



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DEL ESTADO DE HIDALGO

**INSTITUTO DE CIENCIAS AGROPECUARIAS**

**MAESTRÍA EN CIENCIAS ZOOTÉCNICAS Y SALUD ANIMAL**

**TESIS DE MAESTRÍA**

“PREVALENCIA Y PERFILES DE RESISTENCIA  
ANTIMICROBIANA DE *SALMONELLA* SPP. OBTENIDA A  
PARTIR DE CANALES Y HECES DE CERDOS FAENADOS EN  
RASTROS MUNICIPALES PERTENECIENTES A UN ESTADO  
EN LA ZONA CENTRO DE MÉXICO”

Para obtener el grado de

**Maestro en Ciencias Zootécnicas y Salud Animal**

**PRESENTA**

MVZ. Luis Daniel Tinoco Plascencia

**Director**

Dra. Nydia Edith Reyes Rodríguez

**Codirector**

Dr. Jorge Antonio Varela Guerrero

**Asesores**

Dr. Vicente Vega Sánchez

Dr. Juan Martín Talavera González

Dr. Fabián Ricardo Gómez De Anda

Tulancingo de Bravo, Hgo., México., marzo 2026



Asunto: Autorización de impresión

**Mtra. Ojuky del Rocío Islas Maldonado**  
Directora de Administración Escolar de la UAEH

El Comité Tutorial de la TESIS del programa educativo de posgrado titulado **“Prevalencia y perfiles de resistencia antimicrobiana de *Salmonella* spp. obtenida a partir de canales y heces de cerdos faenados en rastros municipales pertenecientes a un estado en la zona centro de México”**, realizado por la (el) sustentante, **Luis Daniel Tinoco Plascencia** con número de cuenta **294895** perteneciente al programa de Maestría en Ciencias Zootécnicas y Salud Animal, una vez que ha revisado, analizado y evaluado el documento recepcional de acuerdo a lo estipulado en el artículo 110 del reglamento de estudios de posgrado, tiene bien a extender la presente:

**AUTORIZACIÓN DE IMPRESIÓN**

Por lo que la sustentante deberá cumplir los requisitos del Reglamento de Estudios de Posgrado y con lo establecido en el proceso de grado vigente.

**Atentamente**  
**“Amor, Orden y Progreso”**  
Tulancingo de Bravo, Hidalgo, a 25 de marzo de 2025

El Comité Tutorial

Dr. Nydia Edith Reyes Rodríguez  
Director

Dr. Jorge Antonio Varela Guerrero  
Codirector

Dr. Vicente Vega Sánchez  
Asesor

Dr. Juan Martín Talavera González  
Asesor

Dr. Fabián Ricardo Gómez De Anda  
Asesor

“Amor, Orden y Progreso”



2025



Avenida Universidad #133, Col. San Miguel Huatengo,  
Santiago Tulantepec de Lugo Guerrero, Hidalgo,  
México. C.P. 43775.

Teléfono: 7717172001 Ext. 42104  
meczya@uaeh.edu.mx

uaeh.edu.mx

## TÍTULO

“Prevalencia y perfiles de resistencia antimicrobiana de *Salmonella* spp. obtenida a partir de canales y heces de cerdos faenados en rastros municipales pertenecientes a un estado en la zona centro de México”

## AGRADECIMIENTOS

Por la presente me gustaría expresar mi más sincero agradecimiento a cada una de las persona e Instituciones que hicieron posible este proyecto, esta tesis no solo representa un esfuerzo académico sino la suma de toda la confianza, la guía y el apoyo que he recibido durante esta etapa de vida: A la **Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (Secihti)** por la beca otorgada para este estudio.

A la **Dra. Nydia Edith Reyes Rodríguez** quien fue directora de esta tesis, le estaré siempre agradecido, su orientación profesional y científica además de su paciencia y compromiso fue crucial para este proyecto. Su guía fue el pilar de esta etapa, su trato humano excepcional deja una huella profunda no solo en mi formación.

Me gustaría extender este agradecimiento al **Dr. Jorge Antonio Varela Guerrero** quien fue codirector de tesis, siempre constituyendo y enriqueciendo este proyecto con su experiencia y guía profesional, sin usted no hubiese sido posible.

A todos los doctores que conforman el comité directivo de tesis **Dr. Vicente Vega Sánchez, Dr. Juan Martín Talavera González, Dr. Fabián Ricardo Gómez De Anda** además de una particular mención a el **Dr. Víctor Manuel Martínez Juárez** quienes con su apoyo su tiempo y guía contribuyeron a la realización de este proyecto. Sus observaciones precisas además de experiencia y apoyo fueron parte fundamental. Gracias

Al la **Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo** por permitirme realizar mi proyecto en sus instalaciones además de todos los docentes del programa **Maestría en Ciencia Zootécnica y Salud Animal**, y compañeros del programa en especial a mis compañeros de generación **Guadalupe Hernández y Manuel Casso** por su invaluable apoyo y compañerismo y amistad. Gracias

Al **Dr. Armando Navarro** y al **Departamento de Investigación de Salud Pública Universidad Nacional Autónoma de México** por su guiarme y permitirme realizar parte de mi trabajo en sus instalaciones.

A el **Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Salud Animal de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Autónoma del Estado de México** por todo su apoyo que me permitió realizar parte de mi trabajo en sus instalaciones.

## DEDICATORIAS

A **Dios y San Cayetano** por su divina gracia y providencia que me permitió realizar y culminar este proyecto.

A mi papá **Jaime Tinoco** por todo el apoyo que me has brindado no solo para este proyecto sino para toda mi vida, tus lecciones de vida me han formado y hecho la persona que soy Gracias Papá.

A ti mamá **Margarita Plascencia** tu apoyo, paciencia y amor infinito siempre me hicieron salir adelante gracias por cada oración. Gracias Mamá.

A ti hermano **Franco Tinoco** por ser mi compañero de vida, siempre puedo confiar en ti, me inspiras y motivas a ser mejor. Gracias hermano.

A ti hermana **Magally Tinoco** por compartir conmigo tan noble profesión además ser un ejemplo en mi vida profesional y personal. Gracias hermana.

A **Abigail Sierra** has sido un apoyo incondicional y mi compañera de vida. Tu apoyo y amor han sido mi fortaleza. Gracias Cariño.

A mi tío **Franco Plascencia** por ser un guía no solo espiritual sino personal siempre he podido contar contigo. Gracias Tío.

A mi hermano **Edgar Tinoco**, mi cuñada **Angélica Maldonado** y mis sobrinos la familia siempre ha sido mi mayor apoyo.

A mis amigos **Alexis Cabrera, Manuel Gutiérrez, Marco Zamora** y a mis amigos y colegas **Sayra Rojas, Daniel García, Oscar Islas, Damaris González, Valeria Martínez**, por cada aventura, consejo, apoyo y risas vividas Gracias por amistad.

## Índice

Índice de figuras .....	9
Índice de tablas.....	10
Resumen.....	11
Abstract.....	12
Introducción .....	13
Revisión de la literatura.....	16
2.1. Producción de Cerdo en México.....	16
2.2. Tipología de rastros en México.....	18
2.3. Enfermedades transmitidas por alimentos .....	19
2.4. <i>Salmonella</i> .....	20
2.4.1. Características de <i>Salmonella</i> .....	20
2.4.2. Clasificación de <i>Salmonella</i> .....	21
2.4.3. Transmisión .....	22
2.4.4. Patogenia.....	24
2.4.5. Signos Clínicos.....	25
2.4.6. Lesiones .....	25
2.4.7. Diagnóstico de <i>Salmonella</i> spp.....	26
2.4.8. Identificación molecular <i>Salmonella</i> .....	27
2.4.9. Identificación serológica .....	28
2.4.10. Identificación mediante MALDI-TOF .....	28
2.4.11. Epidemiología .....	29
2.5. Resistencia antibiótica.....	32
2.5.1. Clasificación de la resistencia .....	34
5.2. Mecanismo de resistencia antibiótica de <i>Salmonella</i> spp. ....	37
2.5.3. Transferencia horizontal de la resistencia .....	38
2.5.3.1. Transducción .....	39
2.5.3.2. Transformación .....	39
2.5.3.3. Conjugación.....	39
2.5.4. Resistencia genotípica a los antimicrobianos.....	40
3. Hipótesis.....	41
4. Objetivo General .....	42
4.1. Objetivo Específicos .....	42
5. Material y métodos.....	43
5.1. Límite de espacio .....	43
5.2. Determinación del tamaño de muestra .....	44

5.3. Análisis de riesgos en rastros municipales .....	45
5.4. Toma de muestra .....	49
5.5. Recolección de la muestra en canal .....	49
5.6. Recolección de la muestra en heces .....	50
5.7. Aislamiento Bacteriológico .....	51
5.8. Identificación bioquímica .....	51
5.9. Identificación por MALDI-TOF .....	52
5.10. Identificación serológica .....	52
5.11. Resistencia fenotípica .....	53
5.12. Extracción de DNA.....	53
5.13. Detección de genes de resistencia. ....	54
5.14. Análisis estadístico.....	54
6. Resultados.....	55
7. Discusión .....	67
8. Conclusiones .....	75
Anexo 1.....	76
Anexo 2.....	1
10. Referencias.....	1

## Abreviaturas

FAO =Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura.

ONU =Organización de las Naciones Unidas

UE= Unión Europea

SPI1 =Isla de patogenicidad 1 de *Salmonella*

WHO= Organización Mundial de la Salud

ETA´s =Enfermedad Transmitida por Alimentos

OIE =Organización Mundial de Sanidad Animal

PCR = Reacción en cadena de la polimerasa

SAT = Prueba de aglutinación sérica

ELISA = Ensayo por Inmunoabsorción Ligado a Enzimas

CDC= Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades

WGS =Secuenciación del genoma completo

RAM = Resistencia a los antimicrobianos

CMI = Concentración mínima inhibitoria

## Índice de figuras

Figura 1	Panorama cárnico nacional de cerdo (COMECARNE, 2023).	16
Figura 2	Evolución mensual de las importaciones y exportaciones mexicanas de carne porcino 2020-2023 (SIAP, 2023).	17
Figura 3	Volumen de canal por entidad productora (SIAP, 2023).	17
Figura 4	Producción y valor del ganado porcino en el Estado de Hidalgo.	18
Figura 5	Proporción de matanzas en diferentes tipos de establecimientos (INEGI, 2010).	18
Figura 6	Imagen microscópica de <i>Salmonella</i> (Tomado Afridi et al., 2016).	21
Figura 7	Lesiones macroscópicas causadas por <i>Salmonella</i> spp. (A) porción de íleon con edema, necrosis, congestión, hemorragia difusa; (B) ciego colon proximal con enterocolitis fibronecrótica y edema (Prieto et al., 2017).	26
Figura 8	Descripción de la técnica de MALDI-TOF.	29
Figura 9	Canal endémico para la detección de <i>Salmonella</i> en tejidos cárnicos, productos y subproductos acuícolas.	30
Figura 10	Distribución estatal de casos de infección por <i>Salmonella</i> spp. en personas.	31
Figura 11	Principales mecanismos de resistencia antimicrobiana en bacterias: bombas de flujo, modificación del sitio blanco, enzimas hidrolíticas y barreras de entrada (Moreno et al., 2009).	38
Figura 12	Mecanismos de transferencia horizontal de genes de resistencia en bacterias: transformación, conjugación y transducción (Moreno et al., 2009).	39
Figura 13	Ubicación geográfica del estado donde se realizó el estudio, situado en la región centro de México.	44
Figura 14	Zona de muestreo de la canal de porcino (Carrascal et al., 2018).	51
Figura 15	Patrón de muestreo en cuadrante para superficies (Carrascal et al., 2018).	51
Figura 16	Prevalencia de <i>Salmonella</i> spp. obtenida a partir de muestras de canal y heces en rastros municipales.	60
Figura 17	Gráfica de barras de resistencia a antibióticos (sensible, intermedio y resistente): AM: Ampicilina; CB: Carbenicilina; CF: Cefalotina; CFX: Cefotaxima; AK: Amikacina; GE: Gentamicina; NET: Netilmicina; CL: Cloranfenicol; NF: Nitrofurantoína; CPF: Ciprofloxacino; NOF: Norfloxacino; STX: Sulfametoxazol/trimetoprim; TET: Tetraciclina.	65
Figura 18	Gráfica de pastel con la clasificación y porcentaje de aislados: Panresistente, Multirresistente, Resistente y Resistencia extendida.	67
Figura 19	Banda diagnóstica de los genes <i>PSE-1</i> (156 pb), <i>STR</i> (203 pb), <i>FloR</i> (266 pb), <i>Sul-1</i> (351 pb), <i>TetG</i> (391 pb), <i>ParC</i> (417 pb) en gel de agarosa al 2.0 %. Marcador de peso 50–800 pb. <i>Salmonella</i> spp.	67

## Índice de tablas

Tabla 1	Clasificación <i>Salmonella entérica</i> en subespecies.	22
Tabla 2	Técnicas de diagnóstico de <i>Salmonella</i> y sus propósitos.	27
Tabla 3	Resultados de la resistencia antimicrobiana de los aislamientos de <i>Salmonella</i> de acuerdo al tipo de antibiótico y país de realización del estudio donde fueron reportados y donde no lo fueron (Tomado y modificado de Quesada et al., 2016).	35
Tabla 4	Resultados de la resistencia antimicrobiana de los aislamientos de <i>Salmonella</i> de acuerdo al tipo de antibiótico y alimento analizado (Tomado y modificado de Quesada et al., 2016).	36
Tabla 5	Listado de rastros municipales dedicados al faenado de cerdos que reporta una matanza mensual mayor a mil en la zona centro de México (SENASICA, 2022).	45
Tabla 6	Tamaño de muestra por rastro.	46
Tabla 7	Antibióticos utilizados en sensidiscos.	54
Tabla 8	Genes de resistencia antibiótica usados en este estudio.	55
Tabla 9	Tabla de contingencia 2x2.	56
Tabla 10	Puntaje y nivel de riesgo obtenido de rastros municipales de la zona centro de México.	58
Tabla 11	Resultado tabla de contingencia 2x2 la relación entre canales contaminadas y no contaminadas y animales portadores (muestreo en heces) y no portadores de <i>Salmonella</i> .	60
Tabla 12	Identificación serológica y distribución de serotipos de <i>Salmonella</i> según antígenos somáticos (O) y flagelares (H) en rastros municipales.	61
Tabla 13	Perfil de resistencia (R), susceptibilidad (S) e intermedio (I) a diferentes antimicrobianos en 40 aislados de <i>Salmonella</i> spp. obtenidos de muestras de canal y heces.	63
Tabla 14	Resultados de la presencia/ausencia de genes que codifican a resistencia en aislados de <i>Salmonella</i> spp.	67

## Resumen

La seguridad alimentaria ha sido un reto a lo largo de toda la historia de la humanidad. Alcanzarla ha figurado como uno de los principales objetivos en todas las culturas humanas, y este propósito se ha visto limitado por la constante presencia de las enfermedades transmitidas por alimentos. En la actualidad afectan a 1 de cada 10 personas a nivel mundial, lo que provoca la pérdida de 33 millones de años de vida saludable. Además, la OMS calcula 420 000 muertes anuales relacionadas con estas enfermedades, y uno de los principales agentes causantes es *Salmonella* no tifoidea, bacilo gramnegativo flagelado anaerobio facultativo con la capacidad de causar infecciones que pueden variar desde cuadros asintomáticos hasta cuadros clínicos graves o mortales.

En el presente estudio se identificó, mediante diversos métodos microbiológicos, la presencia y su prevalencia de *Salmonella* en heces y carne de animales faenados en rastros municipales con capacidad mayor a 1200 animales de un estado de la zona centro de México. Los resultados revelan la presencia predominante de principalmente cuatro serovariedades identificadas por medio del esquema Kauffmann-White-Le Minor: *S. Derby* (80%), seguido por *S. Give* (12.5%), *S. Anatum* (5%) y *S. Newport* (5%), todas ellas de importancia en salud pública a nivel mundial.

Además, este género ha demostrado poseer mecanismos de resistencia a antibióticos y contar con la capacidad de expresarlos, adquirirlos y diseminarlos. Los aislados demostraron presentar resistencia fenotípica principalmente a ampicilina, carbenicilina, nitrofurantoína y tetraciclina. Asimismo, se identificó la presencia de los genes *PseI* (72.5%), *FloR* (5%), *STR* (82.5%), *SulI* (82.5%), *TetG* (12.5%) y *ParC* (50%), los cuales codifican resistencia bacteriana. Estos hallazgos sugieren un potencial riesgo para la salud pública.

Palabras claves: *Salmonella* spp., resistencia antimicrobiana, Serotipificación, ETA's, canales de cerdo.

## Abstract

Food security has been a constant challenge throughout human history. Achieving it has been a primary objective across all human cultures; however, this purpose has been hindered by the persistent prevalence of foodborne diseases. Currently, these illnesses affect 1 in 10 people worldwide, resulting in the loss of 33 million years of healthy life. Furthermore, the WHO estimates 420,000 annual deaths related to these diseases, with non-typhoidal *Salmonella* being one of the leading causative agents. This facultative anaerobic, flagellated Gram-negative bacillus is capable of causing infections ranging from asymptomatic cases to severe or fatal clinical conditions.

In the present study, the presence and prevalence of *Salmonella* were identified using various microbiological methods in feces and meat from animals processed in municipal slaughterhouses (with a capacity exceeding 1,200 animals) in a central Mexican state. The results reveal the predominant presence of four main serovars identified through the Kauffmann-White-Le Minor scheme: *S. Derby* (80%), followed by *S. Give* (12.5%), *S. Anatum* (5%), and *S. Newport* (5%), all of which are of global public health importance. Additionally, this genus has demonstrated antibiotic resistance mechanisms and the capacity to express, acquire, and disseminate them. The isolates showed phenotypic resistance primarily to ampicillin, carbenicillin, nitrofurantoin, and tetracycline. Likewise, the presence of the genes *Pse1* (72.5%), *FloR* (5%), *STR* (82.5%), *Sul1* (82.5%), *TetG* (12.5%), and *ParC* (50%), which encode bacterial resistance, were identified. These findings suggest a significant potential risk to public health.

Keywords: *Salmonella* spp., antimicrobial resistance, serotyping, FBD, pig carcasses.

## Introducción

La calidad y los nutrientes que aportan los alimentos a los que tienen acceso las personas repercuten directamente en la salud de la población, esta calidad dependerá de cada uno de los procesos que atraviesan en toda la cadena de producción (Kopper, 2009).

En la actualidad el mundo enfrenta diferentes problemas como el lento desarrollo económico, la desigualdad social y la degradación ambiental, los cuales generan incertidumbre en todas las naciones. Si bien cada uno de ellos representa un desafío por sí mismo, debe afrontarse de manera conjunta, para ello los 193 miembros de la Organización de Naciones Unidas (ONU) en 2015 constituyeron un llamado a las acciones para poner fin a la pobreza, proteger el planeta y mejorar la vida y las perspectivas, aprobando un plan basado en 17 Objetivos de Desarrollo Sustentable para la agenda 2030.

Dentro de esta agenda, el segundo objetivo para el Desarrollo Sostenible reconoce la seguridad alimentaria como meta para superar el hambre. Asimismo, resalta la importancia de un desarrollo sostenible que contemple la necesidad de un mundo libre de hambre y con seguridad alimentaria. Para lograrlo, se requiere replantear la forma en que producimos, distribuimos y consumimos los alimentos, enfrentando los cambios y desafíos que ello implica (ONU, 2021).

Un derecho intrínseco como ser humano es la seguridad de tener acceso a alimentos que sean inocuos y aptos para su consumo (FAO/OMS, 2005). Bajo esta premisa, puede afirmarse que el hambre constituye una violación a los derechos humanos y que todos los factores que la perpetúan deben considerarse cómplices de esta problemática. En este sentido, la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO, 2011) Señala *“El hambre perpetúa la pobreza al impedir que las personas desarrollen sus potencialidades y contribuyen al progreso de sus sociedades”*.

Por lo que se hace evidente la necesidad de proteger los canales de producción de alimento, no sólo para salvaguardar la salud y bienestar de los pobladores, sino además para elevar la calidad de vida. Con el fin de proteger estos canales de producción de alimentos, los distintos gobiernos han creado sistemas nacionales de control que velan por la disponibilidad de alimentos inocuos, sanos y aptos para ser consumidos (FAO, 2023).

Estudios de países occidentales evidencian una correlación entre el desarrollo del país y el consumo de proteína de origen animal, esta relación revela que a mayor grado de desarrollo del país se denota un aumento en el consumo de proteínas de origen animal (Gaspar et al., 2006).

En países desarrollados se han implementado sistemas de vigilancia epidemiológica, estos sistemas permiten establecer la incidencia de infecciones con relativa certeza, también permiten conocer el impacto y la trazabilidad de la enfermedad, nuestro país no cuenta con un sistema tan desarrollado, por lo que es necesario analizar cada una de las fases de la cadena de producción (Talavera-Rojas et al., 2011).

La carne de cerdo es considerada como una de las proteínas más consumidas a nivel mundial podemos atribuirle a la eficiencia reproductiva de la especie y debido a este gran consumo

que existe a nivel mundial el cerdo se convierte en un punto clave para resguardar la salud poblacional (Ibáñez y Candela, 2023).

En la dieta de los mexicanos, el cerdo forma parte de la gastronomía y como principal ingrediente de los platillos típicos de México. Se estima un consumo de 18 kg a 19.7 Kg per cápita de forma anual (SIAP, 2025).

La contaminación por microorganismos de este alimento constituye uno de los principales riesgos a la cadena de producción de alimentos inocuos, estos patógenos amenazan directamente la seguridad alimentaria teniendo repercusiones desde la salud pública hasta la economía de una población (OIRSA, 2017).

Todos los agentes biológicos o tóxicos que afecten al alimento se consideran un riesgo a la cadena de producción y constituyen una problemática de salud pública en países desarrollados y en vías de desarrollo (Kopper, 2009).

La salmonelosis es reconocida como una de las cuatro principales enfermedades causantes de Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETA's). Aunque generalmente se considera un padecimiento leve, puede llegar a presentar cuadros graves dependiendo de diversos factores (OPS, 2021).

La capacidad adaptativa de *Salmonella* le permite proliferar tanto en seres humanos como en animales, ocasionando una amplia gama de patologías. En particular, *S. Typhi* y *S. Paratyphi* infectan exclusivamente a los seres humanos, siendo responsables de la fiebre tifoidea y paratifoidea, respectivamente (DGE, 2022).

Se cree que los reservorios más comunes para *Salmonella* son los animales de abasto como los pollos, cerdo, bovino y su modo de transmisión más común es la ingesta de alimento contaminado con este patógeno, existen pocos trabajos sobre la transmisión de éste a lo largo de toda la cadena de alimentación y sus efectos en la salud pública (CDC, 2023).

El perfil microbiológico de la carne fresca presente a los consumidores es la suma de las aportaciones realizadas durante las operaciones en granja, rastro, almacenamiento, transporte y distribución (Signorini et al., 2006).

El 6 de Agosto del 2020 México emitió una notificación inmediata ante la OMSA informando sobre una detección de un foco de *Salmonella* de 500 animales susceptibles con un valor aproximado de 26,655 m/n<sup>00</sup> y de 150 animales muertos con un valor estimado de 7,996.50 m/n<sup>00</sup> y 350 animales sacrificados con un valor de 18,658.50 m/n<sup>00</sup>, para octubre del mismo año, en el estado de Hidalgo se reportó un nuevo foco de 18 animales susceptibles y sacrificados con un valor aproximado de 959.00 m/n<sup>00</sup> acumulando pérdidas totales de 27,614.58 millones de pesos para el estado (SENASICA, 2021).

En la industria porcina la contaminación de la carne por *Salmonella* puede presentarse en cualquier etapa de la producción, desde la materia prima con la que se alimenta al animal hasta los subproductos provenientes de esta proteína, los errores cometidos en la cadena alimentaria pueden ocasionar una contaminación del agente, por lo que los rastros se convierten en puntos clave de control para evitar su diseminación y posterior infección al humano (Arcos-Ávila et al., 2013).

Dentro del ámbito de la salud pública, la resistencia antimicrobiana representa una creciente preocupación, ya que se ha observado que los niveles más altos de resistencia se concentran principalmente en serotipos frecuentemente aislados en porcinos, particularmente *Salmonella* Typhimurium y *Salmonella* Derby, los cuales se encuentran asociados tanto a la producción de alimentos como a enfermedades en humanos (EFSA, 2018).

## Revisión de la literatura

### 2.1. Producción de Cerdo en México

En Latinoamérica la producción se caracteriza por su amplia diversidad de sistemas que se refleja en tamaños y tecnificación de las granjas en la última década aumentó la producción en un 30.6% en donde México y Brasil dominan el panorama de producción porcina representando juntos casi el 70% del inventario de cerdos de la región predominando granjas pequeñas y medianas (Roppa et al., 2024).

En México el consumo de carne denota un ritmo de crecimiento anual 4.7% para el período 2017-2022 (Figura 1), el consumo per cápita para el año 2022 alcanzó 22.1 kilos, para darnos cuenta del crecimiento cinco años antes el consumo per cápita fue de 19.7 kilos; siendo, Jalisco y Sonora los principales productores a nivel nacional (COMECARNE, 2023).

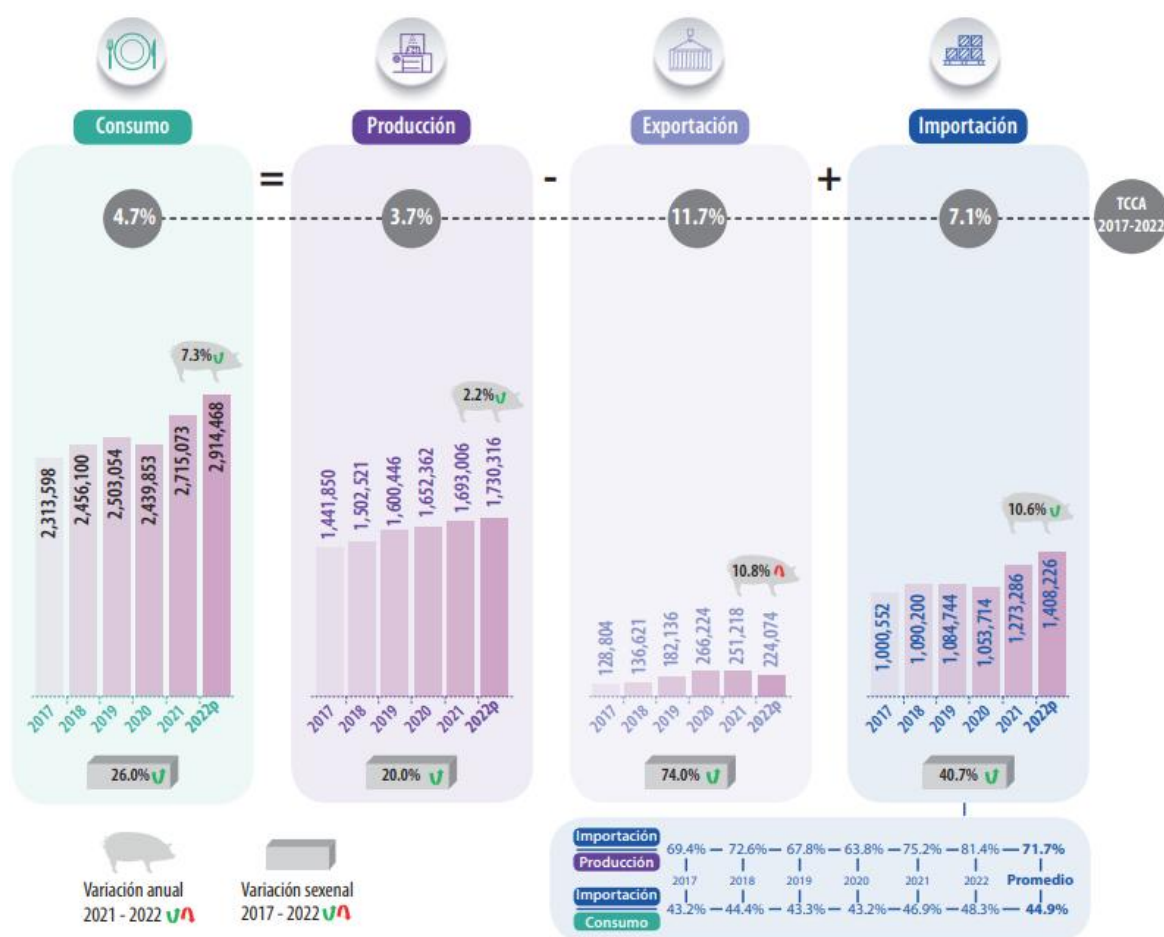


Figura 1. Panorama cárnico nacional de cerdo (COMECARNE, 2023).

El 13 de abril de 2023, la Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural estimó una producción de 1.8 millones de toneladas, con una importación de 1,176 mil toneladas y una exportación de 235 mil toneladas (Figura 2 y 3) (SIAP, 2023).

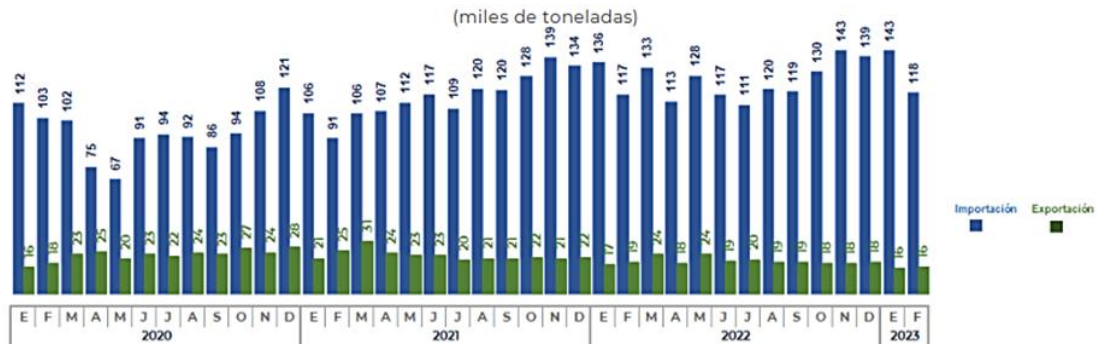


Figura 2. Evolución mensual de las importaciones y exportaciones mexicanas de carne porcino 2020-2023 (SIAP, 2023).

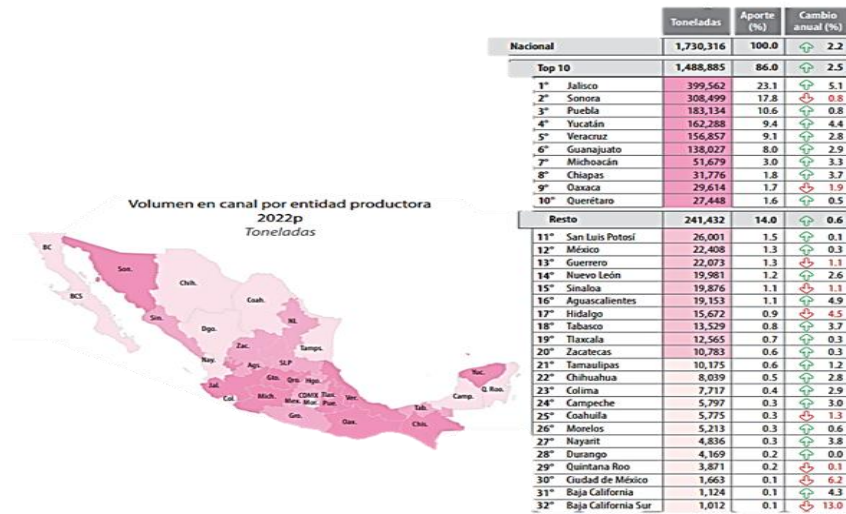


Figura 3. Volumen de canal por entidad productora (SIAP, 2023).

México presenta un déficit en la producción de carne de porcino y, para satisfacer la demanda del mercado interno, recurre a la importación. En los últimos años, estas compras externas han mostrado una evolución significativa: en 2022 se registró una importación de 505 mil toneladas frente a una producción de 2,333 mil toneladas (SIAP, 2023).

En todo el Estado de Hidalgo se estima una producción porcina de 15,822.031 toneladas a nivel anual con un precio promedio de 52,78.00 m/n<sup>00</sup> por kilogramo, otra estimación para el año 2022 es de 205,261 cabezas de porcino sacrificadas de forma anual en el Estado (SIAP, 2023) posicionándose en el 17vo productor a nivel nacional de carne de porcino (COMECARNE, 2023).

En otra estimación proporcionada por (SIAP, 2023) se habla sobre una estimado de 71,687,921.420 que corresponde a un valor de la producción anual de ganado porcino en pie, mientras que en canal nos da la estimación con un valor de 87,202,965.834 de manera anual, en Hidalgo este valor se estima en 835,073.944 pesos, el expendio igual nos revela para el año 2022, la producción del ganado porcino en Hidalgo es de 21,421.659 toneladas.

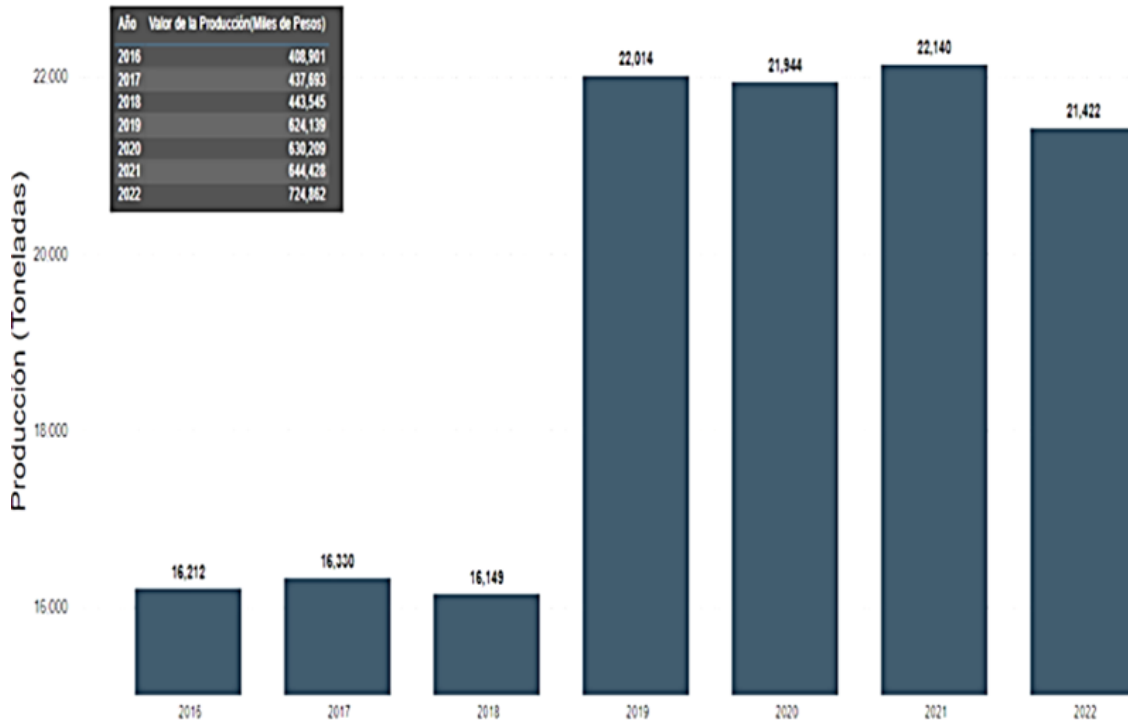


Figura 4. Producción y valor del ganado porcino en el Estado de Hidalgo.

## 2.2. Tipología de rastros en México

En México, los rastros se clasifican de acuerdo con las actividades que realizan, el estatus sanitario que presentan y la finalidad con la que fueron creados (INEGI, 2010). De manera oficial, se reconocen tres categorías principales: Tipo Inspección Federal (TIF), municipales y privados.

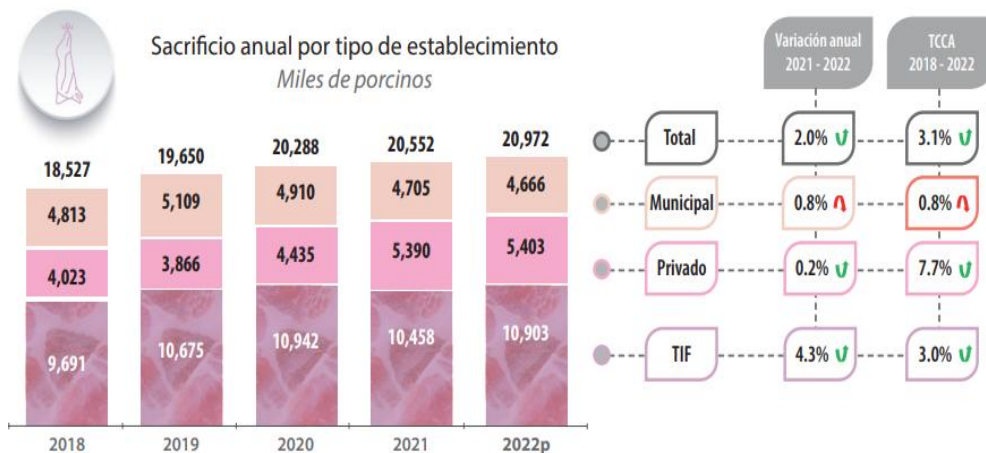


Figura 5. Proporción de matanzas en diferentes tipos de establecimientos (INEGI, 2010).

Los rastros TIF (Tipo inspección federal) cuentan con la supervisión de la Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural (SEDER) a través del SENASICA, y cumplen estrictamente con las normas de inocuidad y sanidad establecidas en la legislación nacional. Su infraestructura moderna y sus procesos estandarizados garantizan la trazabilidad de la carne, lo que permite abastecer tanto al mercado interno como al internacional, siendo los únicos autorizados para exportación (SENASICA, 2022).

En contraste, los rastros municipales son administrados por los gobiernos locales y se enfocan en el abastecimiento de mercados regionales. Aunque desempeñan un papel importante en el consumo interno, suelen enfrentar limitaciones en infraestructura y en el cumplimiento de normativas, lo que ha motivado programas de modernización o su sustitución gradual por plantas TIF (SAGARPA, 2014).

Por su parte, los rastros privados pertenecen a productores organizados o empresas particulares que sacrifican animales con fines de autoconsumo o comercialización directa. Su nivel de cumplimiento normativo es variable y depende en gran medida de la inversión realizada en sus instalaciones y procesos (Villada, 2013).

Aunado a estas categorías formales, en diversas regiones del país persisten modalidades no reguladas, entre ellas los centros de sacrificio clandestinos, que operan sin inspección sanitaria y representan un riesgo para la salud pública; los establecimientos de autoconsumo, caracterizados por instalaciones rústicas destinadas al sacrificio de animales para consumo familiar o comunitario; y los proyectos emergentes de rastros móviles, diseñados para llevar servicios básicos de matanza a comunidades rurales y con ello disminuir la incidencia de matanza clandestina (Peregrino-Peña et al., 2018).

### **2.3. Enfermedades transmitidas por alimentos**

La seguridad alimentaria se define como un estado en el cual las personas gozan en forma oportuna y permanente de acceso a alimento inocuo en cantidad y calidad para su adecuado consumo (FAO, 2005).

Los mecanismos responsables de la contaminación cruzada en los alimentos son complejos, a lo largo de la cadena de producción existen eslabones más susceptibles a la contaminación de microorganismos que otros (EFSA, 2023).

La OMS estima que al menos 1 de cada 10 personas enferman anualmente por ETA's y 420.000 mueren a causa de ellas, de las cuales casi un 30 % de las muertes ocurren en niños menores de 5 años (OMS, 2018).

Dentro de los principales agentes involucrados, *Salmonella* es considerada una de las cuatro causas más frecuentes de enfermedades diarreicas a nivel mundial (OMS, 2018) 60 a 80% de los casos de Salmonelosis no se registran (OMS, 2018).

La causa más habitual de infección por *Salmonella* es la ingesta de alimentos contaminados crudos o cocidos de forma insuficiente, y en una menor incidencia también puede transmitirse a personas por contacto con animales (WOAH/OIE, 2022).

*Salmonella entérica* puede colonizar con éxito animales y humanos, encontrándose en el ambiente, convirtiéndose en un género de interés para la salud pública (CDC, 2023).

En las intoxicaciones alimentarias causadas por bacterias siempre resalta el género *Salmonella* ya que la transmisión de persona a persona de este patógeno es poco frecuente considerando los alimentos como principal fuente de exposición humana, se estima que el 95% están asociadas con alimento de origen animal (Quesada et al., 2016).

Los alimentos de origen animal son los mayores reservorios de *Salmonella*, cuya producción de carne es uno de los vehículos más reportados en brotes de salmonelosis transmitidas por alimentos (Contreras-Soto et al., 2019).

Desde los años 90s la *Salmonella* fue aislada en 42.76% de los alimentos de origen animal principalmente de la carne de cerdo, res y pollo (Contreras-Soto et al., 2019).

Los alimentos de origen animal son considerados, actualmente, como una fuente importante de enfermedades transmitidas, la salmonelosis tiene una mayor incidencia en países desarrollados, inclusive en EUA se han comprobado brotes de *Salmonella* relacionados con alimentos contaminados (Gutiérrez-Cogco et al., 2000).

*Salmonella* es considerada como uno de los principales patógenos transmitidos por alimentos en la Unión Europea (CDC, 2023), es una de las enfermedades de mayor prevalencia. Según los datos internacionales indican una incidencia de 14 a 120 casos por cada 100 00 personas.

Regularmente, *Salmonella entérica* utiliza los alimentos como vía de entrada, considerándose como una de las principales causas de gastroenteritis y bacteriemia en humanos a nivel mundial (Hendriksen et al., 2011).

Algunos serotipos de *Salmonella* tienen la capacidad de formar biopelículas, en la industria alimentaria estas biopelículas que se encuentran en contacto con alimento crean un reservorio ideal de patógenos incrementando el riesgo de la contaminación de alimentos (Barreto et al., 2016).

Existen múltiples estudios que evidencian la transmisión de *Salmonella* de cerdos a humanos a través de la cadena de valor de la carne evidenciada en diversos brotes causantes de enfermedades transmitidas por alimentos (Kivali et al., 2024a).

## **2.4. *Salmonella***

### **2.4.1. Características de *Salmonella***

La *Salmonella* es una bacteria en forma de Bacilos anaerobios facultativos gram negativos no formadores de esporas (Spickler et al., 2013). Su tamaño oscila entre 0,3 a 1 um x 1,0 a 6,0 um. y son móviles por la presencia de flagelos (Figura 6), de igual modo poseen metabolismo oxidativo y fermentativo, produciendo ácido sulfúrico y descarboxila lisina y ornitina a menudo gas durante la fermentación de la glucosa u otros hidratos de carbono (Parra et al., 2002). *Salmonella* se considera intracelular facultativa (Barreto et al., 2016).

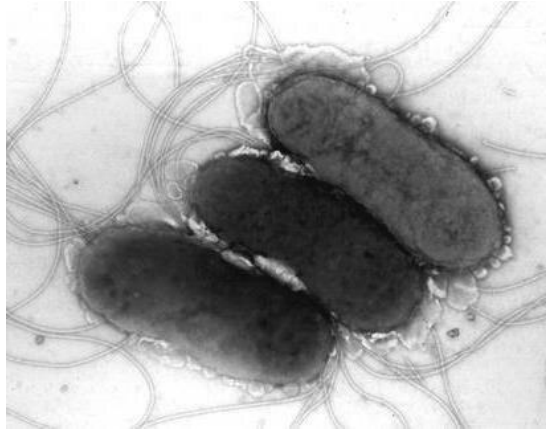


Figura 6. Imagen microscópica de *Salmonella* (Tomado Afridi et al., 2016).

*Salmonella* puede crecer entre 7-49 °C, su crecimiento se ve reducido a < 15 ° C al evaluar la temperatura se señala que su crecimiento puede ser de 5,9 ° C, aunque mucho depende de serovar y medio de cultivo en el que se inocula (UERIA, 2011).

La bacteria *Salmonella* crece a un pH que varía entre 4-9 depende el tamaño y tipo del ácido al cual se expone el organismo (Puig-Peña et al., 2011), puede sobrevivir en ambientes secos y en ambientes húmedos durante meses (OMS, 2018).

#### 2.4.2. Clasificación de *Salmonella*

Durante muchos años *Salmonella* se ha subdividido según sus propiedades serológicas o serovariedades, o aún más para su rastreo epidemiológico mediante prueba de diagnóstico (Alikhan et al., 2018).

La nomenclatura de *Salmonella* es compleja por lo que la comunidad científica da diversos sistemas para referirse a ella y comunicarse sobre su género; sin embargo, se vuelve necesario una uniformidad para referirse a este patógeno y su variedad por lo que la OMS e Institutos colaboradores implementaron el esquema de Kauffmann-White donde cada año se enumeran los nuevos serotipos (Brenner et al., 2000).

Las subespecies se distinguen según sus características diferenciales, algunos nombres de las serovariedades se indican por el síndrome o la relación; también pueden estar correlacionados del síndrome y la especificidad del huésped por lo que en el Congreso Internacional de Microbiología determinó que los nombres compuestos serían ahora solo nombres simples y se mantendrían sólo en las subespecies de *S. Entérica* que representan el 99.5% de las cepas aisladas (Grimont & Weill, 2007).

Un serotipo (Serovar) puede estar determinado por antígenos del factor somático (O) y Flagelar (H) presentes en la pared celular del organismo *Salmonella*, a la fecha se han identificado más de 2,435 serotipos diferentes de *Salmonella* (Grimont & Weill, 2007).

Las cepas de *Salmonella* se clasifican en serovariedades según la gran diversidad de antígenos (O) del lipopolisacárido y de los antígenos proteicos de los flagelos o H, de acuerdo con la clasificación del esquema de White-Kauffamnn-Le Minor cuentan con 2,500

serovariedades en el año 2022, cabe destacar que esta lista no se ha actualizado en los últimos 10 años. Las serovariedades causantes de patologías en animales de abasto y humanos son la *S. Enterica*. Las restantes se pueden encontrar mayormente en el ambiente o animales de sangre fría (Grimont & Weill, 2007).

*Salmonella* se puede clasificar en dos especies: *Salmonella entérica* y *Salmonella bongori* (Grupo V), que a su vez *Salmonella entérica* se subdivide en 6 subespecies como lo muestra la Tabla 1 (UERIA, 2011).

Diversos autores mencionan que es necesario una intervención para controlar *Salmonella*, y realizar una subtipificación por serotipos, debido a que es útil para dirigir de forma correcta tales intervenciones; sin embargo, en el periodo 2001 a 2007 se identificaron en humanos las serovariedades más presentes en 37 países, las más comunes fue el serovar *Salmonella* Enteritidis seguido de *Salmonella* Typhimurium (Hendriksen et al., 2011).

Tabla 1. Clasificación *Salmonella entérica* en subespecies

<b>Especie</b>	<b>Subespecie</b>
<b><i>Salmonella Bongori</i></b>	<i>S. entérica subsp entérica</i> (Subespecie I)
	<i>S. entérica subsp salamee</i> (Subespecie II)
<b><i>Salmonella entérica</i></b>	<i>S. entérica subsp arizonae</i> (Subespecie III a)
	<i>S. entérica subsp diarizonae</i> (Subespecies III b)
	<i>S. entérica subsp houtenae</i> (subespecies IV)
	<i>S. entérica subsp indica</i> (Subespecies VI)

(Uribe y Suarez, 2006)

La secuenciación del genoma completo (WGS) se considera una técnica de primera línea para la tipificación de cepas de *Salmonella* de origen humano. En el Centro Nacional de Referencia para *Escherichia coli*, *Shigella* y *Salmonella* (CNR-ESS) del Institut Pasteur, esta metodología permitió tipificar 7,030 aislamientos en 2020; sin embargo, la serotipificación clásica por aglutinación continúa considerándose el método de referencia para la clasificación de *Salmonella* (Institut Pasteur, 2020).

### 2.4.3. Transmisión

La bacteria *Salmonella* es considerada zoonótica y es de distribución mundial, se asocia con la producción animal intensiva tanto aviar como porcina, su periodo de incubación en humanos es de 6-72 horas, aunque por lo regular su incubación normal ronda en los 12-36 horas (Joaquim et al., 2021).

*Salmonella* cuenta con reservorios, los principales de ellos son los animales domésticos de diversos tipos como aves, mamíferos, reptiles y cuenta con reservorios secundarios o conocidos como fómites como aguas, suelo, cama para crianza y carcasas (Uribe y Suárez, 2006).

Se ha identificado que la transmisión de *Salmonella* puede verse favorecida por la acción de vectores, en particular los de tipo mecánico, como las moscas. Diversos estudios realizados

en plantas de beneficio cárnico han demostrado la presencia de múltiples patógenos transmitidos por estos insectos, lo que evidencia su papel en la diseminación de enfermedades (Alsudan y Lateef Al, 2022).

Asimismo, un modelo matemático desarrollado en Dinamarca para cuantificar la contribución de distintas fuentes de alimentos de origen animal a la salmonelosis humana determinó que los huevos de mesa representan la principal fuente de transmisión, con un 47.1%, seguidos por la carne de cerdo, con un 9% (Hald et al., 2004).

La capacidad de *Salmonella* para sobrevivir durante períodos prolongados en el medio ambiente, especialmente en condiciones cálidas y húmedas, incrementa el riesgo de transmisión por la vía fecal-oral. Las heces se convierten así en un medio de transporte eficaz para infectar a otros huéspedes, mientras que los fómites, como el agua y los alimentos, junto con la participación de vectores particularmente los insectos, refuerzan su potencial de diseminación (Spickler, 2013).

El período de transmisibilidad dura todo el tiempo que perdure la evolución de la enfermedad que generalmente es de algunos días a varias semanas, esto dependerá de las serovariedades implicadas 1% de los adultos infectados y alrededor 5% de los niños menores de 5 años de edad pueden excretar por más de un año el microorganismo a diferencia de la proporción de neonatos es relativamente alta, algunos autores informan hasta un 50% de los neonatos pueden excretar *Salmonella* hasta por 6 meses (Uribe y Suárez, 2006).

Berends et al. (1998) reportaron en un estudio realizado en Holanda que, en canales de cerdos positivos a *Salmonella*, aproximadamente el 29% de las contaminaciones se debían a procesos de contaminación cruzada.

La infección por *Salmonella* en cerdos puede causar signología propia de la enfermedad, sin embargo, gran cantidad de animales especialmente adultos en finalización permanecen asintomáticos; principalmente éstos ayudan a la propagación de la enfermedad, incluso puede ocurrir una contaminación de la canal, las líneas de sacrificio, también está relacionado con la presencia de *Salmonella* en el ambiente (Bonardi, 2013).

La carne por su propia naturaleza y origen es susceptible a la colonización de microorganismos como puede ser *Salmonella*, su contaminación puede deberse a deficientes condiciones sanitarias derivadas de falta de instalaciones, equipos en malas condiciones de trabajo etc. (Signorini et al., 2006).

Además de la contaminación cruzada con otras canales contaminadas durante el sacrificio existen otras fuentes de contaminación en donde el patógeno puede llegar a la canal como el medio ambiente u otros animales infectados (Mkangara, 2023).

Uno de los factores que favorecen la presencia y la patogenicidad de *Salmonella* es la capacidad de formar biopelículas, éstas se definen como una agregación de microorganismos rodeadas por una matriz que está compuesta por una mezcla de sustancias extracelulares poliméricas en algunos antígenos como *S. Enterica* y *S. Typhimurium* el cual contribuye a la formación de biopelículas incluyendo fimbrias, celulosa, polisacáridos capsulares (Barreto et al., 2016).

Un estudio realizado por Kivali et al. (2024a) reveló que las mismas serovariedades de *Salmonella* persistían a lo largo de la cadena, desde la canal hasta el punto de venta minorista, lo que evidencia la presencia de contaminación cruzada en todo el proceso.

La higiene de los manipuladores constituye un punto crítico en el proceso de obtención de la carne, ya que las personas pueden actuar como reservorios de agentes patógenos, contaminando el producto final y comprometiendo tanto su calidad microbiológica como sus características organolépticas (Ibáñez y Candela, 2023).

#### 2.4.4. Patogenia

El principal método de ingreso al sistema es por medio de agua o alimento contaminado, *Salmonella* inicia su ciclo de infección invadiendo las placas de Peyer, (Coburn et al. 2007). Las especies patógenas del género poseen diversos factores que les permiten atravesar las barreras del hospedador y establecer la infección, *Salmonella* cuenta con un sistema de secreción de proteínas codificado en una isla de patogenicidad, el cual le permite formar el denominado complejo “aguja”, un mecanismo especializado de invasión celular (Lou et al., 2019).

Posteriormente, el patógeno utiliza proteínas efectoras para penetrar la mucosa intestinal, teniendo preferencia por las células M epiteliales especializadas de las placas de Peyer o los nódulos linfáticos mesentéricos, según lo reportado por Jones et al. (1994). Tras este proceso inicial, la bacteria se adhiere a las células del epitelio intestinal mediante sus fimbrias, induciendo un mecanismo de macropinocitosis que facilita su incorporación al citoplasma celular.

Una vez internalizadas, las bacterias alcanzaron la lámina propia, donde fueron fagocitadas por macrófagos. Sin embargo, *Salmonella* posee una capacidad excepcional para sobrevivir y multiplicarse en el interior de estas células fagocíticas, lo que le permitió dispersarse hacia el tejido linfático asociado al intestino y los nódulos linfoides mesentéricos. La posterior apoptosis de los macrófagos infectados liberó nuevas bacterias, las cuales reingresaron a los enterocitos a través de la membrana basolateral, acompañadas por la acción de mediadores inflamatorios. Este proceso generó alteraciones en la secreción de iones cloruro, así como daños significativos en la mucosa del epitelio intestinal (Finlay y Falkow. 1997).

Cuando la respuesta inmune del hospedador resultó insuficiente, *Salmonella* logró diseminarse a través del torrente sanguíneo y alcanzó diversos órganos, incluyendo corazón, pulmones, hígado, bazo y riñones, tal como señalaron Prieto et al. (2017).

En relación con los factores genéticos de virulencia, las islas de patogenicidad constituyen elementos esenciales en la evolución de la bacteria. Estas regiones cromosómicas están directamente asociadas con mecanismos clave de virulencia. Entre ellas, las más estudiadas son SPI-1 y SPI-2, relacionadas con la invasión de las células epiteliales y la supervivencia de la bacteria en el interior de los macrófagos. Ambas islas codifican sistemas de secreción tipo III (SSTT), los cuales secretan proteínas efectoras que permiten al patógeno invadir células, evadir la respuesta inmune y establecer infección sistémica, de acuerdo con Barreto et al. (2016).

### 2.4.5. Signos Clínicos

En los humanos la infección puede ser asintomática o permanecer por varios años y en su defecto causar gastroenteritis o enterocolitis, es la forma más común aunque también llegan a tener otras presentaciones como diarrea, cefalea, dolor abdominal, náuseas, vómito, fiebre, deshidratación y temperaturas de los 38° C a 39° C afectando a todos los grupos, aunque tenemos grupos más vulnerables mayores de 60 años y menores de 5 años o personas que por alguna razón se encuentren inmunodeprimidos (Uribe y Suárez, 2006).

El Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) indica que los principales signos clínicos de infección por *Salmonella* en humanos incluyen diarrea, diarrea sanguinolenta, náuseas, vómitos, dolor de cabeza y deshidratación (CDC, 2023).

En el caso de la infección invasiva por *Salmonella* no tifoidea (iNTS), esta no suele estar asociada con diarrea. Sin embargo, las características clínicas reportadas son similares a las de la fiebre tifoidea, destacando síntomas como fiebre y dificultad respiratoria (Mkangara, 2023)

En porcinos, la enfermedad puede presentarse de forma subclínica (asintomática), observándose animales sin signos clínicos evidentes pero que eliminan la bacteria a través de sus heces, actuando como portadores. En otros casos, pueden manifestarse signos clínicos que incluyen la forma enterocolítica o la septicémica, cuya presentación depende tanto de la serovariedad infectante como del estado inmunológico del huésped (Ambroggi et al., 2020)

Aunque la enfermedad natural se manifiesta principalmente como enterocolitis donde los principales signos son diarrea acuosa sanguinolenta o negruzca, deshidratación debilidad y anorexia y en su presentación septicémica podremos encontrar entre otra meningitis, neumonía, encefalitis linfadenitis caseosa y estenosis rectal. (Reed et al., 1986)

### 2.4.6. Lesiones

En la población porcina a la necropsia podemos encontrar diferentes lesiones como pueden ser:

- Mucosa del estómago congestionada y en proceso de necrosis
- Esplenomegalia con focos necróticos
- Hepatomegalia con focos necróticos
- Pulmones firmes
- Pulmones edematosos
- Pulmones congestionados
- Pulmones hemorrágicos
- Tiflitis necrótica ulcerativa con contenido amarillento grisáceo
- Enteritis necrótica
- Linfadenitis regional

Cabe destacar la importancia de conocer las lesiones macroscópicas que podríamos llegar a observar con la finalidad de detectar estas lesiones en la inspección de rastro siendo las más relevantes la Enteritis necrótica y linfadenomegalia. (Prieto et al., 2017)

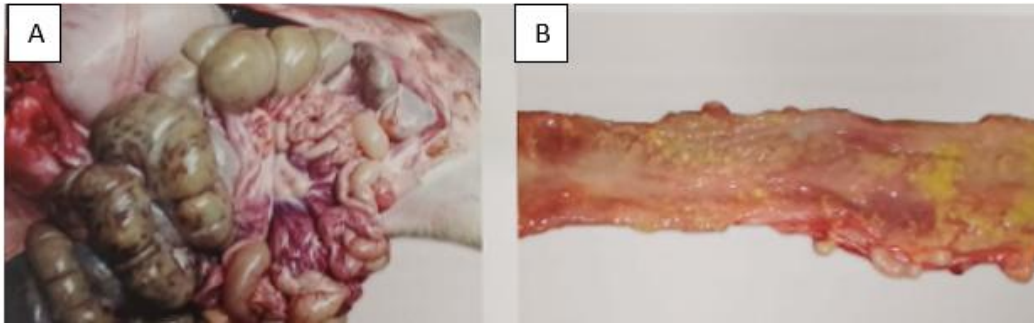


Figura 7. Lesiones macroscópicas causadas por *Salmonella* spp. (A) porción de íleon con edema, necrosis, congestión, hemorragia difusa (B), ciego colon proximal donde presenta enterocolitis fibronecrosis, edema (Prieto et al., 2017).

#### 2.4.7. Diagnóstico de *Salmonella* spp.

Entre los bacilos Gram negativos más comunes responsables de gastroenteritis alimentarias se encuentran las bacterias del género *Salmonella*. El tracto gastrointestinal de personas y animales constituye su principal reservorio, y su diseminación ocurre a través de las heces. Cuando estos microorganismos están presentes en animales de abasto, un procesamiento inadecuado puede derivar en una inevitable propagación del agente (CDC, 2023).

El faenado en rastros o mataderos representa un punto crítico en la producción de alimentos inocuos, ya que el riesgo de contaminación cruzada y diseminación de patógenos es elevado, especialmente en los establecimientos dedicados al sacrificio de porcinos (Moreira et al., 2019).

Para el diagnóstico y control de *Salmonella* en alimentos, los métodos de detección constituyen una herramienta fundamental. En México, la Norma Oficial Mexicana NOM-114-SSA1-1994 establece un procedimiento estandarizado para la determinación de este patógeno. El esquema metodológico propuesto contempla cinco pasos esenciales:

- I. Pre enriquecimiento: En donde es enriquecida la muestra, este cultivo no es selectivo, se considera un medio nutritivo, este medio permitirá restaurar las células de *Salmonella* dañadas en una condición fisiológica favorable.
- II. Enriquecimiento selectivo: En este proceso se pretende incrementar las poblaciones de *Salmonella* e inhibir otros organismos presentes en la muestra.
- III. Selección en medios sólidos: En estos medios selectivos que restringen el crecimiento de otros géneros diferentes a *Salmonella* y permite el reconocimiento visual de colonias sospechosas.
- IV. Identificación bioquímica: Este paso permite la identificación genérica de los cultivos *Salmonella* y eliminación de cultivos sospechosos falsos.
- V. Serotipificación: Es una técnica serológica que permite la identificación específica de un cultivo.

(NOM-114-SSA1-1994).

De acuerdo con la Organización Mundial de Sanidad Animal (WOAH/OIE, 2022), existen diversos métodos de diagnóstico para la detección de *Salmonella*, cada uno con propósitos específicos. La elección de la técnica depende del objetivo del programa de pruebas, así como del tipo de muestra y el plan de muestreo establecido.

La OIE señala que es recomendable aplicar más de un método de detección en una misma muestra clínica para aumentar la confiabilidad de los resultados (Tabla 2).

Tabla 2. Técnicas de diagnóstico de *Salmonella* y sus propósitos.

Técnica / Propósito	Detección del agente (a)	Identificación del agente	Detección de anticuerpos	Vigilancia / Programas de control
Aislamiento bacteriológico	+++	+++	-	+++
PCR (Reacción en cadena de la polimerasa)	+++	++	-	+++
ELISA (Enzimoimmunoanálisis de adsorción)	+	-	+++	++
SAT (Prueba de aglutinación sérica)	-	-	++	+

**Clave:**

- Método recomendado para este propósito = +++
- Método recomendado, pero con limitaciones = ++
- Método adecuado en pocas situaciones = +
- Método no adecuado para este propósito = -
- (a) Se recomienda aplicar varios métodos de detección del agente en una misma muestra clínica.

#### 2.4.8. Identificación molecular *Salmonella*

La detección de *Salmonella* puede realizarse mediante diferentes métodos, entre los cuales destaca la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Esta técnica posee la ventaja de aplicarse a muestras complejas y, al mismo tiempo, ofrecer una alta sensibilidad y especificidad (Yanestria et al., 2019).

Dentro de los marcadores moleculares, el gen *invA* ha demostrado ser un blanco confiable para la PCR, ya que contiene secuencias únicas de ADN presentes en todas las variedades patógenas del género *Salmonella*. Este gen se asocia directamente con el proceso de invasión al epitelio intestinal, al formar parte de las islas de patogenicidad, que codifican para los sistemas de secreción tipo III (Luigi et al., 2015; Chacón, 2010).

#### **2.4.9. Identificación serológica**

La identificación serológica de *Salmonella* se basa en el esquema de clasificación desarrollado por Kauffmann-White-Le Minor, el cual emplea la detección de antígenos somáticos (O) y flagelares (H) para la determinación de serovariedades. Este método ha permitido la caracterización de más de 2,600 serotipos descritos a nivel mundial, siendo una herramienta fundamental en los programas de vigilancia epidemiológica y trazabilidad alimentaria (Grimont y Weill, 2007).

Las técnicas serológicas más utilizadas incluyen la aglutinación en portaobjetos y la aglutinación en tubo, mediante antiseros específicos frente a los antígenos O y H. Estos métodos son considerados una extensión de la identificación bioquímica, permitiendo confirmar si un aislamiento pertenece al género *Salmonella* y, posteriormente, establecer su serovariedad (Popoff et al., 2004).

En el contexto de salud pública, la serotipificación adquiere relevancia ya que ciertos serotipos, como *Salmonella* enterica serovar Typhimurium y *S. Enteritidis*, se encuentran estrechamente asociados con brotes transmitidos por alimentos. La identificación serológica, por tanto, facilita la detección de cepas epidémicas y contribuye a la implementación de medidas de control y prevención (WHO, 2010).

Aunque la serotipificación convencional sigue siendo el estándar de referencia, en los últimos años se ha reconocido que presenta limitaciones, como la dependencia de antiseros de alta calidad y personal capacitado, así como el elevado número de serotipos a identificar. Por ello, se recomienda complementar esta metodología con herramientas moleculares, logrando mayor rapidez y precisión en la identificación (EFSA, 2018).

#### **2.4.10. Identificación mediante MALDI-TOF**

A nivel mundial se considera el aislado microbiológico como el estándar de oro para la identificación de *Salmonella* seguido de pruebas de confirmación serológica sin embargo en cambio existen otros métodos como es el MALDI-TOF que ofrece ventajas por ejemplo la velocidad y simplicidad de preparación de la muestra, medición y automatización e identificación robusta del género (Kang et al., 2017).

MALDI-TOF o la espectrometría de masas de tiempo de vuelo por ionización y desorción láser asistida por matriz se ha utilizado como método que permite de forma precisa la caracterización e identificación microbiana, permitiendo generar huellas dactilares espectrales de masas características, podemos traducirlas como firmas únicas de cada microorganismo (Croxatto et al., 2012). Se ha demostrado que MALDI-TOF es una herramienta confiable económica y rápida en la detección de microorganismos especialmente *E. coli* y *Salmonella* utilizado como herramienta alternativa (Shell et al., 2017).

La técnica se compone de 3 fases una fuente de iones para ionizar y transferir iones de moléculas de muestra a una fase gaseosa posterior un analizador de masas que separa los iones según su relación masa-carga y en último el dispositivo para detectar y monitorear iones separados (Figura 8) (Croxatto et al., 2012).

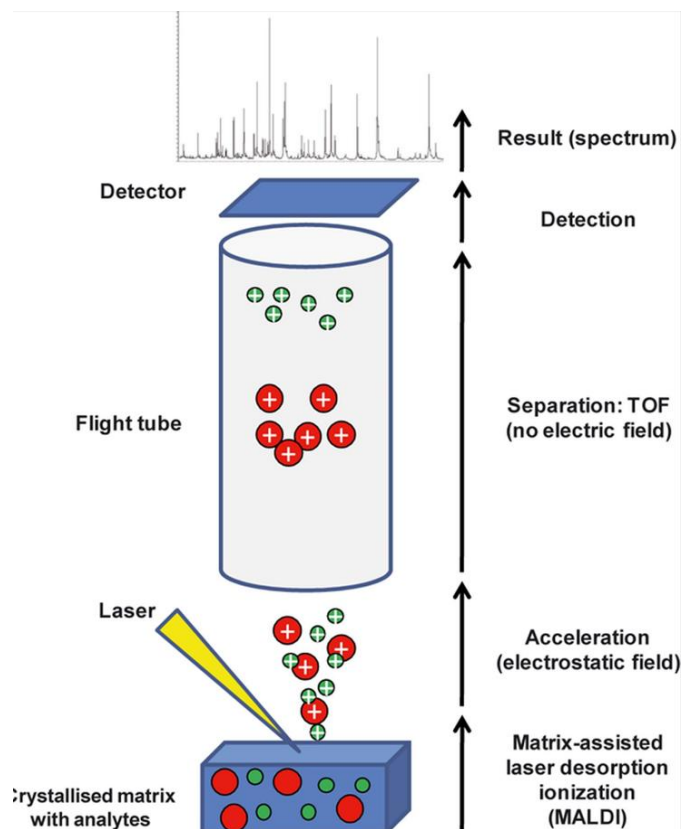


Figura 8. Descripción de la técnica de MALDI-TOF.

Se ha demostrado que MALDI-TOF es un método de gran precisión y rapidez convirtiéndose en una herramienta útil para la determinación de riesgos microbiológicos en alimentos de distinto origen (Singhal et al., 2015).

#### 2.4.11. Epidemiología

La expansión del comercio internacional de alimentos, derivada de las crecientes exportaciones e importaciones entre países geográficamente distantes, incrementa el riesgo de diseminación de agentes infecciosos, facilitando su propagación a nivel global (García, 2012).

El género *Salmonella* posee la capacidad de infectar a una amplia variedad de animales, habiéndose identificado en mamíferos, aves, reptiles y anfibios. El rango de hospederos depende de la serovariedad involucrada (Spickler, 2013). Aunque la infección puede ser causada por cualquiera de los casi 2,500 serotipos descritos, en México destacan principalmente *Salmonella* Enteritidis y *S. Typhimurium* como los más frecuentes (Gutiérrez-Cogco et al., 2000).

De acuerdo con análisis de tendencias internacionales, los serotipos *S. Typhimurium* y *S. Derby* se han reportado con mayor frecuencia en Asia y América del Norte. A pesar de que se observó previamente una disminución en los casos de salmonelosis, en 2014 se registró un aumento del 15.3% en la tasa de notificación, alcanzando 2.3 casos por cada 100,000 habitantes en comparación con el año anterior (EFSA, 2018).

En México, para el año 2022 se estableció la vigilancia de cuatro agentes prioritarios mediante la atención centinela de la Enfermedad Diarreica Aguda (EDA), entre los cuales se incluye *Salmonella*. A nivel mundial, se estima que ocurren aproximadamente 16 millones de casos de fiebre tifoidea, con cerca de 6 millones de defunciones, así como 1,300 millones de casos de gastroenteritis asociados a este patógeno. De manera particular, en México se notificaron 215,155 casos de salmonelosis en 1998, siendo los estados de Tabasco, Coahuila, Chiapas y Quintana Roo los más afectados (DGE, 2022).

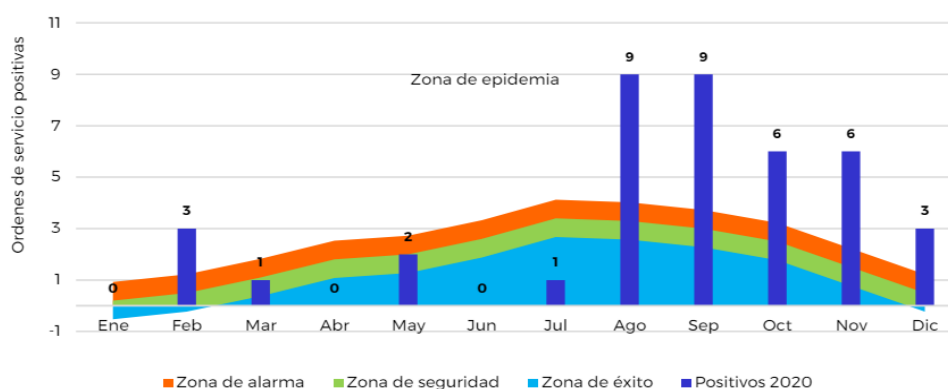


Figura 9. Canal endémico para la detección de *Salmonella* en tejidos cárnicos, productos y subproductos acuícolas.

El Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SINAVE) reportó que, entre 1984 y 2017, se observó un incremento considerable en los casos de fiebre tifoidea, pasando de 7,629 a 45,280 casos, mientras que las otras salmonelosis aumentaron de 31,943 a 104,471 casos (Figura 9) (DGE, 2022).

De acuerdo con el Boletín Epidemiológico, en la semana 52 del año 2022 se registraron en México 14,149 casos de fiebre tifoidea, de los cuales 10 casos confirmados corresponden al Estado de Hidalgo. Para la misma fecha, en el caso de paratifoidea se notificaron 6,327 casos a nivel nacional y 4 en Hidalgo. Asimismo, se documentaron 45,183 casos de otras salmonelosis en todo el país, con 82 casos en Hidalgo, donde únicamente se logró identificar el género *Salmonella* (SSA, 2022).

En el año 2020 el número total de infecciones por *Salmonella* en personas alcanzó 64788 casos de los que el 25.4% (16466) fue identificado como fiebre tifoidea, 8.4% (5468) a paratifoidea, se debe destacar el 66.2% no fue identificado el serovares responsable, aunque pueden tener un posible origen zoonótico (Figura 10) (SENASICA, 2022).

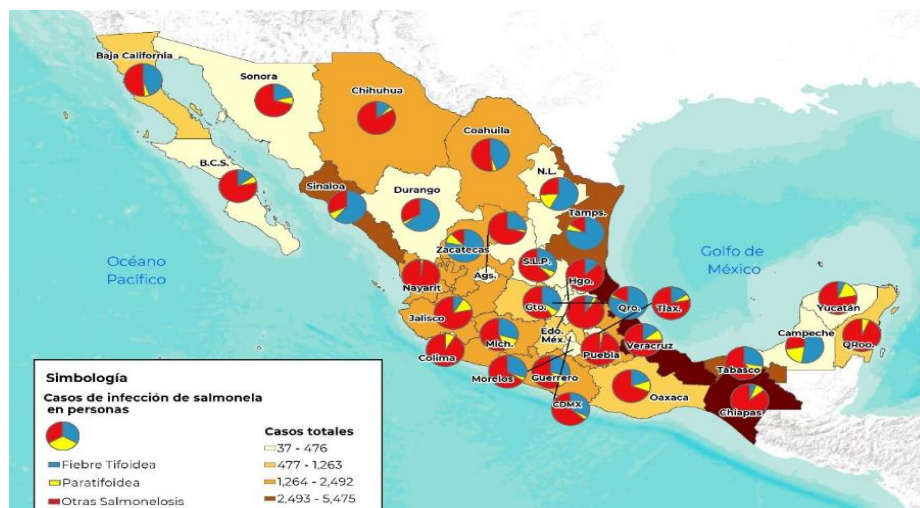


Figura 10. Distribución estatal de casos de infección por *Salmonella* spp. en personas

En una revisión histórica (1968–2018), se identificó en México una amplia diversidad de serotipos de *Salmonella* aislados de ambientes, alimentos, animales y humanos, lo cual resalta la necesidad de fortalecer los sistemas de vigilancia epidemiológica en el estudio de este patógeno (Contreras-Soto et al., 2019). Entre ellos, destaca *S. Choleraesuis*, agente causal de enfermedad severa en cerdos, que también puede infectar al ser humano y generar cuadros sistémicos (SENASICA, 2022).

A nivel internacional, en la Unión Europea se estimaron en 2017 alrededor de 91,859 casos de infección humana por *Salmonella*, lo que representó el 33% de los brotes de ETA's. En un estudio realizado en China entre 2011 y 2016, con 807 muestras de carne minorista, se encontró un 19.7% de positividad a *Salmonella*, posicionando a la carne de cerdo como la principal fuente de contaminación (Mkangara, 2023).

En Latinoamérica, Asia y África, la incidencia anual de salmonelosis oscila entre 200 y 500 casos por cada 100,000 habitantes. En Perú, entre 2010 y 2012, la vigilancia epidemiológica registró un promedio de 35 brotes de ETA's anuales, de los cuales el 47% estuvieron asociados a salmonelosis aguda, afectando aproximadamente a 2,800 personas (Quino et al., 2020).

En términos históricos, desde 1986 se reportó un aumento significativo en los aislamientos de *Salmonella* Enteritidis; solo en los primeros seis meses de ese año se documentaron 150 brotes que afectaron a más de 6,000 personas. En países como Chile, la salmonelosis humana se encuentra catalogada como una enfermedad de notificación obligatoria (Barreto et al., 2016).

En el resumen del informe sobre tendencias y fuentes de zoonosis agentes zoonóticos y brotes transmitidos por alimentos en 2017 de la Unión Europea se hace mención sobre las principales serovariedades que se tienen presentes en países miembro resaltando *S. Derby* y *S. Newport* en quinto y sexto lugar (EFSA, 2022).

La prevalencia de diversas serovariedades a lo largo de toda la cadena de transmisión se ha visto exhibida en diversos estudios desde los materiales utilizados hasta el personal que

labora en estos estudios se ha identificado con mayor presencia la serovariedad *S. Typhimurium* y *S. Newport* (Kivali et al., 2024b).

En Francia los serotipos de *S. entérica* serovar *Typhimurium* y *Derby* son los más aislados en cerdos además *S. Derby* se posiciona por lo regular en el tercer y cuarto lugar en prevalencia en aislados obtenidos a partir de humanos. Asimismo, diversos estudios han demostrado la relación genética entre los aislamientos procedentes de cerdos y los de humanos, lo que evidencia la trazabilidad de la enfermedad a través de los alimentos (Kerouanton et al., 2013).

## 2.5. Resistencia antibiótica

La resistencia bacteriana se entiende como el conjunto de mecanismos mediante los cuales los patógenos disminuyen o neutralizan la acción de los agentes antimicrobianos (Fernando et al., 2003). La llamada RAM también constituye uno de los principales métodos de supervivencia bacteria; esta puede ser intrínseca o adquirida por medio de extensos mecanismos genéticos, además su antigüedad data de hace millones de años (Giono-Cerezo 2020). El uso excesivo de antibióticos en diferentes sectores exponencial el desarrollo de resistencia y su diseminación. Volviéndose una de las principales preocupaciones (Samreen et al., 2021).

En los últimos años múltiples estudios han reportado la presencia de resistencia antimicrobiana en *Salmonella* en alimentos de origen animal, esta resistencia ha sido atribuida al uso indiscriminado de antibióticos en medicina humana y medicina animal, además la industria pecuaria además de ser utilizados de forma terapéutica también ha sido utilizada como protectores de crecimiento en dosis subterapéuticas por prolongados periodos (Quesada et al., 2016).

En España se obtuvieron 1318 provenientes de cerdos destinados al consumo humano de los cuales se identificaron 63 serotipos diferentes y de terminaron sus RAM, demostrando una resistencia a tetraciclinas que vario del 66.7% al 95.8 además de presentar resistencia a diferentes antibióticos como sulfametoxazol, estreptomycin, ampicilina, resistencia a cloranfenicol mostrando un aumento de la resistencia de 2013 a 2017 (Teng et al., 2022).

*Salmonella* cuenta con una gran variedad de cepas algunas de estas han demostrado ser relevantes en salud pública como ha sido el caso de DT104 que cuenta con multiresistencia antimicrobiana por ejemplo a Ampicilina, Cloranfenicol, Estreptomycin, Sulfisoxazol y tetraciclinas (Yokoyama et al., 2007).

Tras la introducción de los antibióticos en la práctica médica, la resistencia comenzó a detectarse rápidamente; incluso Alexander Fleming, descubridor de la penicilina, advirtió en su momento acerca de los riesgos que implicaba el uso inadecuado de estos fármacos. No obstante, a pesar de las advertencias, el empleo de antimicrobianos, tanto de uso común como restringido, se ha convertido en una práctica cotidiana en la clínica veterinaria y humana (Peruana et al., 2019).

Las bacterias poseen genes de virulencia y resistencia, los cuales pueden transmitirse de manera horizontal entre diferentes especies bacterianas. Este fenómeno facilita la diseminación de determinantes genéticos y contribuye a la evolución de patógenos emergentes con mayor capacidad de causar infecciones difíciles de tratar (Valencia et al., 2010).

A nivel mundial, se estima que cada año ocurren más de 700 mil muertes relacionadas con infecciones causadas por bacterias resistentes a antimicrobianos, y se proyecta que en los próximos 25 años esta cifra podría superar los 10 millones de muertes anuales. Las pérdidas económicas asociadas podrían exceder los 100 billones de dólares para 2050, lo que convierte a la resistencia antimicrobiana en una amenaza comparable con las principales crisis de salud global. Bajo este panorama, el temor es que infecciones consideradas “comunes” puedan volverse potencialmente letales (OPS/OMS, 2021).

La Organización Mundial de la Salud (OMS) define la resistencia antimicrobiana (RAM) como un fenómeno natural de cambios genéticos en microorganismos, incluyendo bacterias, virus, parásitos y hongos; que les permite volverse resistentes a la acción de los fármacos. Aunque este proceso ocurre de forma natural, la RAM se ve acelerada por el uso indiscriminado e inadecuado de antimicrobianos en la salud humana y animal. Actualmente, esta problemática amenaza con revertir un siglo de avances médicos y constituye un obstáculo para el cumplimiento de los Objetivos de Desarrollo Sostenible (OPS/OMS, 2021).

En este contexto, múltiples estudios han documentado una creciente proporción de cepas de *Salmonella* con resistencia a múltiples antibióticos en diversos países, lo que agrava los riesgos asociados a la inocuidad alimentaria y la salud pública. La RAM fue reconocida por primera vez en 1960 en el Reino Unido en *Salmonella typhimurium* en específico la cepa DT 29 en los posteriores 5 años demostró resistencia a Ampicilina, estreptomicina, sulfonamidas, tetraciclinas y furazolidona, lo que ocasionó diversas infecciones en el ganado vacuno y seres humanos de igual modo en los años posteriores alrededor de las 3% de las cepas aisladas de humanos eran multirresistentes (Threlfall, 2002)

De acuerdo con una revisión sistemática realizada por Quesada et al. (2016), que incluyó estudios epidemiológicos llevados a cabo en América Latina entre 2003 y 2014, se documentó la resistencia de *Salmonella* frente a distintos antimicrobianos, así como su relación con diversos alimentos analizados.

Los casos reportados de resistencia a antimicrobianos hoy en día están muy extendidos en países desarrollados y en vías de desarrollo. En los países desarrollados se cree que la mayor parte de cepas multirresistentes son de origen zoonótico y adquieren su resistencia en el huésped animal y posteriormente infectan al humano a través de la cadena de alimentos (Threlfall, 2002).

La resistencia antimicrobiana es una de las mayores amenazas a la salud pública a nivel mundial, principalmente se debe a la gran cantidad de antibióticos prescritos indiscriminadamente en medicina humana y animal, dando lugar a la resistencia bacteriana que a manera muy simple podemos definirla como la capacidad de una bacteria de sobrevivir en concentraciones de antibióticos que inhiben o matan a otras de la misma especie (Alós, 2015).

Desde un punto de vista clínico se considera que una bacteria es sensible a un antimicrobiano cuando la concentración en el sitio de infección es al menos 4 veces superior a la CMI (Concentración mínima inhibitoria) y una concentración por debajo de ésta calificaría a la bacteria como resistente, estos valores son relativos y dependen de la dosis, vía de administración localización etc. (Fernando et al., 2003).

Con el fin de frenar el avance de la RAM, una de las medidas adoptadas ha sido la restricción en el uso de antibióticos de nueva generación, reservándose únicamente como última línea terapéutica. En algunos casos, incluso se han retirado del mercado para garantizar su empleo exclusivo como barrera de defensa final (Peruana et al., 2019).

*Salmonella* se considera una bacteria que por lo regular se transmite a los humanos, teniendo como origen la población animal (WHO, 2011). En las últimas décadas, la resistencia y en especial la multiresistencia a antibióticos (cuatro o más) de *Salmonella* se ha incrementado exponencialmente en los aislamientos de pacientes infectados en Europa Occidental y Norte América. Se ha percibido esencialmente en la resistencia a ampicilina, cloranfenicol, estreptomycin, sulfonamidas, tetraciclinas desde los años 90s (Threlfall, 2000).

### 2.5.1. Clasificación de la resistencia

Existen múltiples opiniones sobre cómo clasificar organismos resistentes a la acción de fármacos, pero la opinión más válida es de un grupo de expertos pertenecientes al ECDC (Centro Europeo para la Prevención y el Control de Enfermedades) y el CDC (Centro de Control de Enfermedades) donde por consenso acordaron clasificarlos de la siguiente forma:

- Resistente (R): Presenta resistencia al menos a una familia de antibióticos
- Multiresistencia (MDR): Resistente al menos a un antibiótico de 3 o más familias
- Resistente extendida (XDR): Ausencia de sensibilidad al menos a un antibiótico de todas las familias excepto uno o dos Panresistencia (PDR) : ausencia de sensibilidad a todos los antibióticos de todas las familias habitualmente utilizadas en el tratamiento de la bacteria .
- (Jiménez et al., 2019)

Existen reportes de *Salmonella* no tifoidea, multiresistente que comparte serovares entre humanos, ganados y el ambiente evidenciando contaminación ambiental y una prevalencia del patógeno (Kivali et al., 2024a).

Tabla 3. Resultados de la resistencia antimicrobiana de los aislamientos de *Salmonella* de acuerdo al tipo de antibiótico y país de realización del estudio donde fueron reportados y donde no lo fueron (Tomado y modificado de *Quesada et al., 2016*).

Antibiótico	Brasil	México	Colombia	Argentina	Venezuela
<b>Aminoglucosidos</b>					

<b>Gentamicina</b>	2/11	4/5	2/2	---	---
<b>Estreptomicina</b>	5/11	7/7	2/2	1/1	---
<b>Kanamicina</b>	2/4	4/4	1/1	---	---
<b>Quinolonas</b>					
<b>6/7</b>	2/2	1/1	1/1		
<b>3/4</b>	1/3	0/1	1/1		
<b>FloRquinolonas</b>					
---	1/1	---	---		
<b>Penicilinas</b>					
<b>7/8</b>	1/1	0/1	---		
<b>Tetraciclinas</b>					
<b>7/7</b>	2/2	1/1	1/1		
<b>Fenicoles</b>					
<b>6/7</b>	2/2	1/1	1/1		
<b>Trimetoprim-Sulfametoxazol</b>					
<b>Trimetoprim-Sulfametoxazol</b>	5/8	5/6	2/3	1/1	1/1
<b>Sulfonamidas</b>					
<b>Sulfonamidas</b>	7/8	---	---	---	---
<b>Nitrofuranos</b>					
<b>Nitrofurantoína</b>	4/6	---	1/1	1/1	---
<b>Cefalosporinas</b>					
<b>Cefalotina (1ª gen)</b>	2/4	2/3	1/2	0/1	---
<b>Ceftriaxona (3ª gen)</b>	0/3	2/3	1/1	0/1	---
<b>Cefamina</b>					
<b>Cefotaxima (3ª gen)</b>	2/4	1/1	1/1	0/1	---

Tabla 4 Resultados de la resistencia antimicrobiana de los aislamientos de *Salmonella* de acuerdo al tipo de antibiótico y alimento analizado (Tomado y modificado de Quesada et al., 2016).

<b>Antibiótico</b>	<b>Carne de pollo</b>	<b>Carne de res</b>	<b>Carne de cerdo</b>	<b>Salchicha de cerdo</b>	<b>Salami</b>	<b>Huevos</b>
Gentamicina	1/7	1/2	1/5	---	---	---
Estreptomina	5/4	4/4	2/2	---	---	---
Kanamicina	2/3	1/1	---	---	---	---
Ácido nalidíxico	5/6	4/4	2/3	1/1	---	1/1
Ciprofloxacina	1/1	1/1	1/3	---	1/1	---
Enrofloxacin	5/4	---	---	---	---	---
Ampicilina	2/6	3/3	3/3	---	1/1	---
Tetraciclina	7/8	4/4	3/4	1/1	1/1	---
Cloranfenicol	2/6	1/3	3/3	1/1	1/1	---
Trimetoprim-Sulfametoxazol	4/5	3/3	1/2	1/1	1/1	---
Sulfonamida	2/3	2/2	---	1/1	1/1	---
Nitrofurantoína	---	1/1	1/1	---	---	---
Cefalotina (1 <sup>a</sup> gen)	½	1/2	1/2	---	---	---
Ceftriaxona (3 <sup>a</sup> gen)	½	---	---	---	---	---
Cefotaxima (3 <sup>a</sup> gen)	1/3	---	---	---	---	---
Cefoxitina	½	1/1	---	---	---	---

## 5.2. Mecanismo de resistencia antibiótica de *Salmonella* spp.

La resistencia antimicrobiana en bacterias se presenta a través de una amplia variedad de mecanismos que les permiten sobrevivir a la acción de los antibióticos. Estos mecanismos incluyen la modificación de los sitios blanco, la inactivación enzimática de los antimicrobianos y la reducción de la permeabilidad celular o expulsión activa de los antibióticos. La resistencia antimicrobiana puede ser de origen natural (intrínseca) o adquirida. La resistencia intrínseca corresponde a una característica propia de determinadas especies bacterianas que les confiere resistencia a ciertas familias de antibióticos, permitiéndoles sobrevivir en presencia de estos agentes. Por otra parte, la resistencia adquirida puede transmitirse de forma vertical, de generación en generación, como resultado de mutaciones estables en el material genético bacteriano, o de forma horizontal mediante la transferencia de elementos genéticos móviles, como plásmidos, integrones y transposones (Fernando et al., 2003; Aleksandrowicz, 2023).

Se cree que los principales mecanismos por los cuales *Salmonella* ha adquirido resistencia es la transferencia de plásmidos, estos fácilmente son transmitidos entre especies y se diseminan por la continua presión antibiótica en su medio (García, 2012).

La resistencia bacteriana hace uso principalmente de 4 mecanismos (Figura 11):

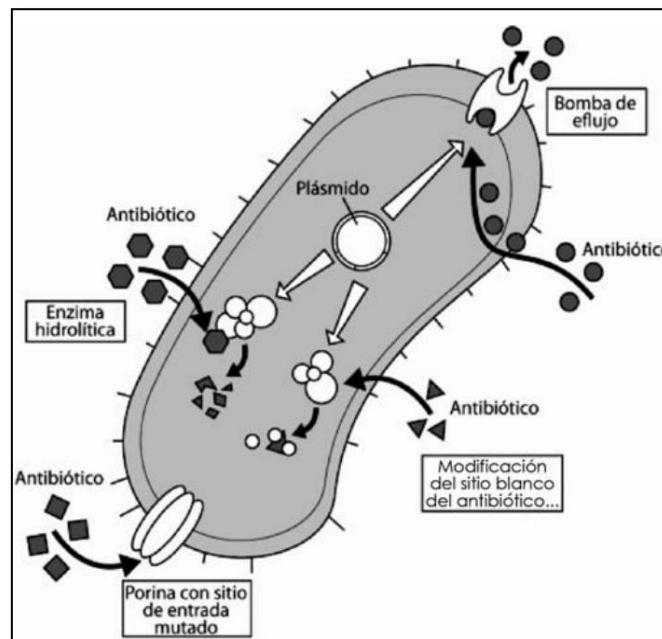


Figura 11. Principales mecanismos de resistencia antimicrobiana en bacterias: bombas de flujo, modificación del sitio blanco, enzimas hidrolíticas y barreras de entrada (Moreno et al., 2009).

- **Enzimas Hidrolíticas:** Las bacterias que cuentan con este mecanismo sintetizan enzimas que hidrolizan al antimicrobiano, destruyendo su acción impidiendo actuar sobre el microorganismo, las más importantes consideran las betalactamasas y carbapenemasas.
- **Modificación de sitio de acción:** La modificación de un aminoácido genera un blanco diferente disminuyendo así el sitio de unión por el antimicrobiano, por lo general estas producen mutaciones en las porinas de la pared que impide la entrada de ciertos antibióticos
- **Disminución de la permeabilidad de la pared celular:** Cambios en el diámetro y número de porinas pueden bloquear el ingreso del antimicrobiano a la bacteria
- **Bombas de flujo:** Transportan al antimicrobiano hacia el exterior de la célula sin modificación, pero sin acción antimicrobiana.

(Moreno et al., 2009; Gástelo y Vargas, 2018)

### 2.5.3. Transferencia horizontal de la resistencia

La transferencia horizontal de genes de resistencia entre bacterias de diferentes especies y géneros constituye un proceso ampliamente documentado que favorece la diseminación de la resistencia antimicrobiana. Este intercambio genético ocurre principalmente a través de tres mecanismos: transformación, transducción y conjugación, mediante los cuales los microorganismos pueden incorporar genes de resistencia asociados a elementos genéticos móviles. La propagación de bacterias resistentes derivada de estos procesos se ha consolidado como uno de los principales problemas de salud pública a nivel internacional (Rozo & Dussán, 2010).

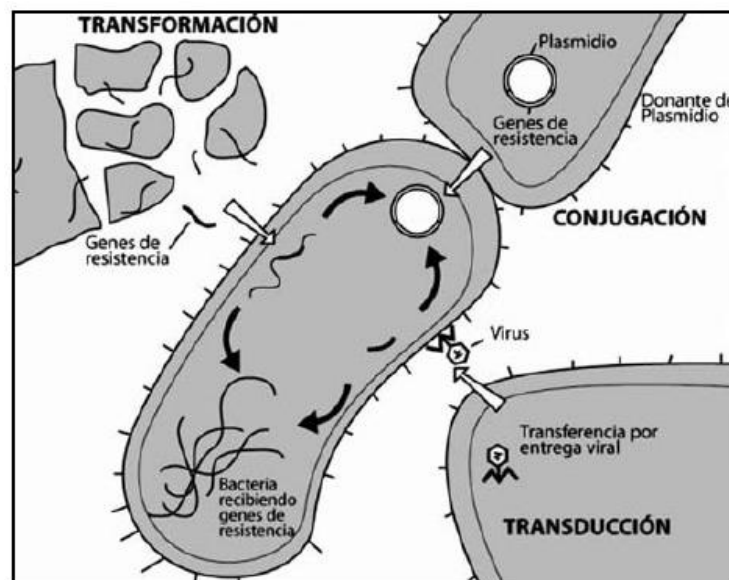


Figura 12. Mecanismos de transferencia horizontal de genes de resistencia en bacterias: transformación, conjugación y transducción (Moreno et al., 2009).

### **2.5.3.1. Transducción**

Los mecanismos genéticos móviles son otra forma de adquirir y diseminar genes de resistencia bacteriana facilitando su evolución y adaptación, estos incluyen plásmidos, elementos integrativos y conjugativos, transposones, secuencias de inserción y bacteriófagos. (Takuda, 2024). En este mecanismo no es necesario un contacto entre organismos para una transferencia de material genético entre bacterias (Lerminiaux & Cameron, 2019).

### **2.5.3.2. Transformación**

Se permite la adquisición y la incorporación de ADN desnudo exógeno presente en el medio externo este ADN es liberado al medio cuando la bacterias mueren y sus membrana han sido lisadas en este caso no se limita filogenéticamente por lo que puede darse en varios géneros además permite la creación de genes quimeras (Nikaido, 1998). Aunque debe cumplir varias condiciones para que ocurra este mecanismo debe haber ADN presente, las bacterias receptoras deben estar en un estado de competencia o estrés y el ADN traslocado deberá estar estabilizado esto por integración del genoma receptor o por recirculación. (Von Wintersdorff et al., 2016).

### **2.5.3.3. Conjugación**

Podemos definirla como la transferencia de material genética entre una bacteria donadora y una bacteria receptora este mecanismo si requiere contacto directo es mediado por plásmidos estos se consideran elementos genéticos ADN bicatenario de longitud variable móviles de forma circular con la característica de poderse replicar de forma independiente dentro de su información estos contiene los así llamados casetes genéticos que codifican resistencia bacteriana , una sola bacteria puede albergar varios plásmidos un solo plásmido puede codificar resistencia a varios antibióticos aunado a esto se ha demostrado adquirir sucesivamente diferentes genes de resistencia por lo que se convierten en un potencial riesgo la posibilidades de estos plásmidos (Orormi, 2000; Moreno et al., 2009).

Se han establecido conceptos con la finalidad de clasificar el grado de resistencia antimicrobiana, identificando el número de familia de antibióticos a la que presentan resistencia fenotípica, Multirresistencia (MDR) ausencia de sensibilidad al menos a un antibióticos de tres familias de antibióticos, Resistencia extendida (XDR) ausencia de sensibilidad al menos a un antibióticos de todas a las familias excepto una o dos, Panresistencia (PDR) ausencia de sensibilidad a todos los antibióticos de las familias utilizadas habitualmente para el tratamiento (Camacho-Silvas et al., 2021).

#### 2.5.4. Resistencia genotípica a los antimicrobianos

La resistencia genotípica se refiere a la presencia de determinantes genéticos que confieren a una bacteria la capacidad de sobrevivir a uno o varios antimicrobianos. Estos determinantes pueden encontrarse en el cromosoma bacteriano, en plásmidos, transposones, integrones o en otros elementos genéticos móviles (EGM), facilitando su diseminación tanto vertical (a células hijas) como horizontal (entre bacterias del mismo o distinto género) (Holmes et al., 2016).

La resistencia genotípica en *Salmonella* spp. se caracteriza por la presencia de genes específicos que permiten a la bacteria neutralizar, expulsar o evadir la acción de distintos antimicrobianos. Gran parte de estos genes se encuentran ubicados en plásmidos, islas de resistencia, integrones clase 1 y 2, y otros elementos genéticos móviles (EGM) que facilitan su transferencia horizontal entre bacterias zoonóticas presentes en animales, alimentos y ambientes productivos (Frye et al., 2013).

Entre los determinantes genéticos más relevantes destacan los genes de  $\beta$ -lactamasas, de manera particularmente importante, blaCTX-M, que codifica cefotaximasas de espectro extendido (ESBL). Estas enzimas confieren resistencia a penicilinas y cefalosporinas de tercera generación, lo que limita las opciones terapéuticas en infecciones humanas (Rodríguez et al., 2023).

Asimismo, *Salmonella* posee genes asociados a la resistencia a quinolonas y fluoroquinolonas, como *qnrA*, *qnrB*, *qnrS*, *aac(6')-Ib-cr* y mutaciones puntuales en la región QRDR de *gyrA* y *parC*, que modifican las topoisomerasas bacterianas. La presencia de estos genes se ha relacionado con fallas terapéuticas en el tratamiento con ciprofloxacina y ácido nalidíxico (Khanam et al., 2022).

En cuanto a tetraciclinas, los genes *tetA*, *tetB* y *tetG* son los más frecuentemente encontrados en *Salmonella* aislada de animales de producción y alimentos. Estos genes codifican bombas de eflujo que expulsan el antibiótico hacia el exterior celular, disminuyendo su concentración intracelular (Yan, 2024).

Otros determinantes relevantes incluyen *sul1*, *sul2* (resistencia a sulfonamidas), *dfrA* (resistencia a trimetoprim), y *catA1* (resistencia a cloranfenicol). La coexistencia de múltiples genes en un mismo plásmido, particularmente en plásmidos IncA/C, IncI1 o IncF, favorece la aparición de cepas multirresistentes (MDR), un problema creciente en salud pública y seguridad alimentaria (Carattoli, 2009).

El uso de metodologías genotípicas como PCR múltiple, secuenciación completa del genoma (WGS) y análisis de integrones ha permitido identificar patrones de resistencia en *Salmonella* provenientes de carne, huevo, productos cárnicos procesados y cadenas acuícolas. Estos hallazgos han sido fundamentales para fortalecer programas de vigilancia basados en el enfoque One Health, ya que muestran cómo los genes de resistencia pueden diseminarse entre animales, alimentos y humanos (Kim et al., 2020).

### **3. Hipótesis**

Existe una prevalencia de 4% de *Salmonella* spp. resistente a antimicrobianos en aislados obtenidos a partir de canales y heces de cerdos faenados en rastros municipales en un estado de la zona centro de México.

## 4. Objetivo General

Determinar la prevalencia, caracterización serológica y perfiles de resistencia antimicrobiana de *Salmonella* spp. aislada de canales y heces de cerdos faenados en rastros municipales de la zona centro de México, mediante métodos microbiológicos, serológicos y moleculares, con la finalidad de generar información que contribuya a la evaluación del riesgo sanitario y al fortalecimiento de las estrategias de control de este patógeno en la cadena porcina.

### 4.1. Objetivo Específicos

- Determinar la prevalencia de *Salmonella* spp. en muestras de canales y heces de cerdos faenados en rastros municipales de la zona centro de México, mediante métodos microbiológicos convencionales de aislamiento e identificación, con el propósito de estimar la magnitud de la contaminación en el proceso de faenado porcino.
- Evaluar el riesgo de contaminación por *Salmonella* spp. en rastros municipales de la zona centro de México, mediante la aplicación del cuestionario de Evaluación de Riesgos de Rastros y Mataderos Municipales de la COFEPRIS, con la finalidad de identificar factores que favorecen la contaminación microbiológica durante el sacrificio
- Identificar los serotipos de *Salmonella* spp. presentes en los aislamientos obtenidos, mediante el esquema de Kauffmann–White–Le Minor, con el propósito de conocer la distribución de serovares de importancia en salud pública.
- Determinar los perfiles de susceptibilidad antimicrobiana de los aislamientos de *Salmonella* spp., mediante pruebas de sensibilidad antimicrobiana conforme a los lineamientos del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI), con la finalidad de establecer los patrones de resistencia presentes en los aislamientos.
- Detectar genes asociados a resistencia antimicrobiana (*pse*, *floR*, *str*, *sull*, *tetG* y *parC*) en los aislamientos de *Salmonella* spp., mediante técnicas moleculares, con el propósito de identificar los mecanismos genéticos relacionados con la resistencia antimicrobiana.

## 5. Material y métodos

### 5.1. Límite de espacio

El estudio se llevó a cabo en un estado ubicado en la zona centro de México (Figura 13), donde se identificaron rastros municipales dedicados al sacrificio y procesamiento de cerdos destinados al abasto.



Figura 13. Ubicación geográfica del estado donde se realizó el estudio, situado en la región centro de México.

Para la selección de las unidades de muestreo se empleó como criterio principal que los establecimientos reportaron una matanza anual superior a 1,200 cerdos, dado que este volumen permite garantizar una actividad operativa continua, así como procesos relativamente estandarizados y representativos de la dinámica regional de producción porcina. Tras realizar la revisión de los registros oficiales y municipales de sacrificio, se identificaron cuatro rastros que cumplían con el criterio establecido, designados para efectos del estudio como Rastro A, Rastro B, Rastro D y Rastro E, los cuales fueron incluidos como unidades de análisis (Tabla 5).

Tabla 5. Listado de rastros municipales dedicados al faenado de cerdos que reporta una matanza mensual mayor a mil en la zona centro de México (SENASICA, 2022).

Rastro	Número de animales en línea de matanza mensual
A	2300
B	2500
D	1700
E	1200
<b>Total</b>	<b>7700</b>

## 5.2. Determinación del tamaño de muestra

El tamaño de la muestra se obtuvo utilizando la fórmula de tamaño de muestras en poblaciones finitas (Wayne, 2006) como muestra en la siguiente:

$$n = \frac{N * Z_{\alpha}^2 * p * q}{d^2 * (N - 1) + Z_{\alpha}^2 * p * q}$$

Donde:

- N=Total de la población (7700)
- $Z_{\alpha} = 1.962$  (Nivel de confianza de 95%)
- p = proporción esperada (en este caso 4% = 0.040)

(Cavalheiro et al., 2022)

- q = 1 – p (en este caso 1 – 0.040 = 0.96)
- $d = (0.05)^2$
- n = 59

El tamaño de muestra (n) que se obtuvo fue de 59. Posteriormente se ponderó en los rastros municipales de forma proporcional al total de número de animales faenados obteniendo las muestras como se muestra en Tabla 6.

Tabla 6. Tamaño de muestra por rastro

<b>Rastro</b>	<b>No. animales en línea de matanza</b>	<b>% De animales Sacrificados</b>	<b>Muestra en heces</b>	<b>Muestra en canales</b>
<b>A</b>	2300	30%	18	18
<b>B</b>	2500	32%	19	19
<b>D</b>	1700	22%	13	13
<b>E</b>	1200	16%	9	9
<b>Total</b>	7700	100%	59	59

### 5.3. Análisis de riesgos en rastros municipales

La metodología empleada para el análisis de riesgos se basó en el estudio desarrollado por COFEPRIS en 2006 (Signorini et al., 2006). Dicho estudio utilizó una encuesta aplicada de manera presencial en cada uno de los rastros, mediante la cual fue posible caracterizar el nivel de riesgo sanitario de cada planta procesadora e identificar los peligros asociados en cada etapa del proceso.

En ese trabajo, cada una de las preguntas fue diseñada a partir de un flujograma que comprendía todas las fases del proceso, desde la recepción de los animales hasta el embarque del producto final. Este flujograma permitió identificar las etapas críticas del proceso, las fuentes potenciales de contaminación y los puntos específicos donde podrían introducirse o diseminarse peligros biológicos. Asimismo, se evaluó la probabilidad de que microorganismos patógenos pudieran sobrevivir o multiplicarse en cada una de estas etapas.

La encuesta utilizada en dicho estudio se presentaba de la siguiente forma:

Clave de Rastro: \_\_\_\_\_

Nombre del entrevistador: \_\_\_\_\_

1. Cuál es la ubicación del rastro:
  - a) Urbano (3)
  - b) Suburbano (1)
  - c) Rural (1)
2. Qué tipo de acceso existe en el rastro:
  - a) Camino pavimentado (1)
  - b) Camino de terracería (3)
3. Las instalaciones del rastro están cercadas en la periferia
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
4. Cuenta con rampa de desembarco:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
5. Cuenta con corral de descanso:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
6. Solo es utilizada para una especie:
  - a) Si (1)
  - b) No (4)
7. Cuenta con corrales para animales en observación
  - a) Si (1)

- b) No (3)
- 8. Se cuentan con áreas delimitadas y separadas por barreras físicas:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 9. Realiza una inspección ante mortem:
  - a) Si (1)
  - b) No (5)
- 10. Quien realiza la inspección sanitaria:
  - a) Médico Veterinario y Personal capacitado (1)
  - b) Médico veterinario (2)
  - c) Personal capacitado (3)
  - d) No existe inspector sanitario (5)
- 11. Existe un baño de animales antes de ingresar a la sala de matanza:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 12. Realizan Insensibilización
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 13. Método de sacrificio por corte carótidas:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 14. Se colecta la sangre:
  - a) Si (1)
  - b) No (5)
- 15. Realiza faenado aéreo de la canal:
  - a) Si (1)
  - b) No (5)
- 16. Se destina a algún proceso la sangre:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 17. Existe un recambio periódico en el agua de escaldado:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 18. Como se realiza un depilado:
  - a) Mecánicamente (1)
  - b) Manualmente (3)
  - c) Mixto (5)
- 19. Existe esterilización de cuchillos y material entre canales:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 20. El personal cuenta con capacitación en el área:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 21. El personal tiene áreas de trabajo bien definidas:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)

22. El personal cuenta con tareas específicas:  
a) Si (1)  
b) No (3)
23. Todo el personal cuenta con toda la vestimenta de trabajo:  
a) Si (1)  
b) No (3)
24. En que se depositan las vísceras:  
a) Carretillas, carretones, carritos para vísceras, carritos de acero inoxidable, carros riñón, carros transportadores, charolas, equipo adecuado, equipos automáticos, canaleja y recibidor, canastillas, cuarto para vísceras y cuarto frío (1)  
b) Botes de plástico, botes y perchas, cajas de plástico, cestas de plástico, cubetas, depósitos de plástico, dispositivos, recipientes plásticos, utensilios plásticos, contenedores (2)  
c) Lavaderos, bancos de concreto, mesas, pilas, piletas, plancha, tambos, tanques, tarimas, tarjas, tinas, tolvas, anaqueles, bidones, taras, bolsas, botes y jivas (3)  
d) Ganchos o perchas (4)  
e) Piso, suelo, basura o no hay depósitos (5)
25. Existe separación de vísceras verdes y rojas:  
a) Si (1)  
b) No (3)
26. Cuenta con salas separadas para el manejo de vísceras verdes y rojas:  
a) Si (1)  
b) No (3)
27. Se identifican las vísceras de cada canal:  
a) Si (1)  
b) No (3)
28. Tienen utensilios específicos para cada área:  
a) Si (1)  
b) No (3)
29. Se cuenta con incinerador:  
a) Si (1)  
b) No (3)
30. Cuenta con planta de rendimiento:  
a) Si (1)  
b) No (3)
31. Cuál es el destino de las vísceras decomisadas:  
a) Se incineran (1)  
b) Se deposita en basureros (3)
32. Se lava la canal después del depilado:  
a) Si (1)  
b) No (3)
33. El agua utilizada es potable:  
a) Si (1)  
b) No (3)

34. El agua procede de:
  - a) Red pública (1)
  - b) Pozo (2)
  - c) Otro (3)
35. El agua se distribuye por medio de:
  - a) Red continua (1)
  - b) Almacenada en las instalaciones (3)
  - c) Externa a las instalaciones (4)
36. Las aguas residuales se vierten en:
  - a) Tanque tratamiento de agua (1)
  - b) Drenaje público (4)
  - c) Canales y arroyos (5)
37. Las aguas residuales cuentan con algún tratamiento:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
38. Existe identificación de canales:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
39. Existe cámara de refrigeración de canales:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
40. Existen cámara de refrigeración de vísceras:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
41. Cuenta con registros de entrada y salida de los animales:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
42. Realiza una limpieza y desinfección de las áreas al final de la jornada:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)

El análisis realizado fue de tipo semicuantitativo, en el cual cada posible respuesta obtuvo una puntuación asignada de acuerdo con el nivel de riesgo identificado. La escala utilizada fue la siguiente: una puntuación de 1 cuando el riesgo era insignificante, 2 para riesgo bajo, 3 para riesgo medio, 4 cuando el riesgo era alto y 5 para riesgo muy alto. Esta metodología es congruente con los criterios empleados en la adopción de un Sistema de Análisis de Peligros e Identificación de Puntos Críticos de Control (HACCP, por sus siglas en inglés).

Bajo este esquema, cada uno de los cuestionarios aplicados presentó un puntaje total mínimo posible de 42 y un máximo de 142. Posteriormente, utilizando el programa estadístico R, se calcularon los cuartiles con el propósito de clasificar a los rastros según su nivel de riesgo sanitario. Con base en esta distribución, los puntajes obtenidos se agruparon en cuatro categorías: riesgo bajo, riesgo medio, riesgo alto y riesgo muy alto. Esta clasificación permitió asignar un nivel de riesgo sanitario específico a cada establecimiento evaluado.

La interpretación final de los rangos quedó definida de la siguiente manera:

- 42 a 67: Riesgo sanitario Bajo
- 68 a 92: Riesgo sanitario Medio
- 93 a 117: Riesgo sanitario Alto
- 118 a 142: Riesgo sanitario Muy alto

#### **5.4. Toma de muestra**

Previo al inicio de la recolección de las muestras, el personal ingresó a las instalaciones de cada rastro siguiendo estrictamente las medidas de bioseguridad establecidas. Durante todo el procedimiento de muestreo se empleó el equipo de protección individual correspondiente, que incluyó botas, overol, cubrebocas, mandil y cofia. Además, se realizó desinfección de manos con solución antimicrobiana, y posteriormente las manos fueron secadas utilizando toallas desechables de papel para evitar cualquier tipo de contaminación cruzada. Una vez concluido este proceso, se colocaron guantes estériles, empleando un par nuevo para cada canal muestreada con el fin de garantizar la asepsia en cada toma de muestra.

#### **5.5. Recolección de la muestra en canal**

La muestra se tomó transcurrida media jornada o antes de comenzar la refrigeración (post lavado final, previo al enfriado) se tomó por medio de método no destructivo (método de esponja) se seleccionaron las canales al azar para el muestreo.

- a) En el muestreo de la canal utilizamos una gasa y un cuadrante de papel previamente esterilizado para cada canal.
- b) El cuadrante de papel tenía las dimensiones de 10 X 10 cm otorgando un total de 100 cm<sup>2</sup>
- c) Previo a la muestra la zona se hundi6 durante 5 segundos con 10 ml de agua peptonada.
- d) Se muestrearon las siguientes cuatro zonas de la canal comenzando por la parte superior hasta llegar a la parte inferior de la canal; Pernil (Miembro posterior en la parte medial o Vastus medial), Vientre (Zona ventral o Músculo recto abdominal), Lomo (Región dorsal torácica o Músculo transversal espinal), Cabeza (Región facial o Músculo masetero) (Figura 14) (Vivian et al., 2021).

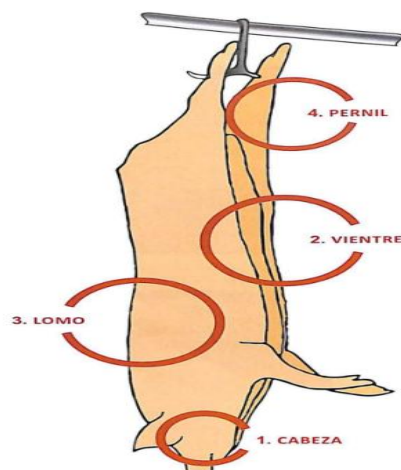


Figura 14. Zona de muestreo de la canal de porcino (Carrascal et al., 2018).

- e) Se frotó la superficie 10 veces verticalmente (arriba y abajo) y diez veces Horizontalmente (derecha a izquierda) y finalmente diagonal por aproximadamente 20 segundos aplicando la mayor presión posible repitiendo el proceso en cada zona a muestrear.

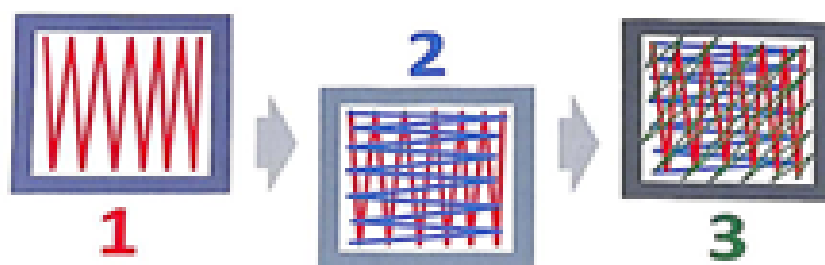


Figura 15. Patrón de muestreo en cuadrante para superficies (Carrascal et al., 2018).

- f) Terminado la toma de muestra cada gasa representó 400 cm<sup>2</sup> de las 4 zonas muestreadas en la superficie de la canal y fue depositada en un tubo tipo Falcon con 25 ml de agua peptonada al 1 %, previamente identificados
- g) Las muestras colectadas fueron resguardadas en una nevera con geles refrigerantes a fin de garantizar una temperatura de 4- 8 o C (Reyes-Rodríguez et al., 2013).

### 5.6. Recolección de la muestra en heces

Posterior a la recolección de la muestra por el método no destructivo en la canal, se procedió a trasladarse al área de evisceración para llevar a cabo la toma de la segunda muestra correspondiente. De la misma canal previamente muestreada, se realizó una incisión en la

porción del intestino grueso, específicamente en el colon, de donde se obtuvieron 1 g de materia fecal (Reyes-Rodríguez et al., 2013).

La muestra recolectada se depositó inmediatamente en un tubo Falcon que contenía 9 mL de agua peptonada como solución de preenriquecimiento. Posteriormente, los tubos fueron resguardados en refrigeración a 4–8 °C para su conservación y traslado al laboratorio (Reyes-Rodríguez et al., 2013).

### **5.7. Aislamiento Bacteriológico**

El aislamiento bacteriológico se llevó a cabo siguiendo las recomendaciones establecidas en la Norma Oficial Mexicana NOM-114-SSA1-1994 para la detección de *Salmonella* spp.

De cada tubo Falcon, se pipeteó 1 mL de la muestra preenriquecida; transcurrido el tiempo de incubación, los tubos fueron homogeneizados. A partir del agua peptonada, se realizó la siembra por estría en agar XLD (xilosa-lactosa-desoxicolato) y en agar Verde Brillante (VB), incubando las placas a 37 °C durante 18 a 24 h. El mismo procedimiento se efectuó con el caldo tetracionato.

Las placas se incubaron durante  $24 \pm 2$  h a 35 °C y posteriormente se examinaron cuidadosamente para detectar la presencia de colonias típicas de *Salmonella* spp. La morfología colonial fue descrita de acuerdo con el medio de cultivo empleado:

Agar XLD: colonias rosadas o rojas, a menudo translúcidas, con o sin centro negro. En algunos casos, pueden observarse colonias completamente negras debido a la producción de sulfuro de hidrógeno.

Agar Verde Brillante (VB): colonias rojas o rosadas, generalmente transparentes y rodeadas de un halo rojizo en el medio. Las bacterias fermentadoras de lactosa forman colonias amarillas, lo que permite diferenciarlas de *Salmonella* spp.

### **5.8. Identificación bioquímica**

Posteriormente a la selección de las colonias que presentaron una morfología compatible con *Salmonella* spp., se procedió a su identificación bioquímica siguiendo lo establecido en la NOM-210-SSA1-2014 y considerando los métodos clásicos de referencia. Para ello, cada colonia seleccionada fue inoculada en los medios TSI (Triple Sugar Iron) y LIA (Lysine Iron Agar). En el medio TSI se evaluó la fermentación de lactosa, la producción de gas y la generación de sulfuro de hidrógeno (H<sub>2</sub>S). En el medio LIA se verificó la capacidad de la bacteria para descarboxilar lisina, así como la producción de H<sub>2</sub>S y de gas, lo que permitió establecer los primeros rasgos diferenciales del microorganismo.

De manera complementaria, las colonias fueron inoculadas en agar Kligler, donde se valoró la fermentación de glucosa y lactosa, así como la producción de H<sub>2</sub>S y gas, información necesaria para confirmar el patrón típico de los bacilos entéricos del género *Salmonella*.

Asimismo, se realizaron las pruebas bioquímicas del sistema IMViC, que incluyeron la determinación de indol mediante el medio SIM; en el cual también se verificó nuevamente la producción de H<sub>2</sub>S y la movilidad bacteriana, junto con las pruebas de citrato de Simmons, rojo de metilo y Voges–Proskauer (Muller et al., 2021; Yesigat et al., 2020).

Las colonias también fueron sometidas a la prueba de hidrólisis de urea utilizando Urea Agar Base, además de las pruebas de fenilalanina, malonato, lisina, arginina y ornitina, mediante la evaluación de las descarboxilasas y desaminasas correspondientes. Estas pruebas permitieron obtener un perfil metabólico completo que facilitó la confirmación presuntiva de *Salmonella* spp., diferenciándose adecuadamente de otros miembros de la familia Enterobacteriaceae, conforme a los criterios descritos por MacFaddin (2003) y reportes contemporáneos de Karim et al. (2020), Muller et al. (2021) y Yesigat et al. (2020).

### **5.9. Identificación por MALDI-TOF**

La confirmación de los aislamientos se realizó mediante espectrometría de masas por desorción/ionización láser asistida por matriz acoplada a tiempo de vuelo (MALDI-TOF MS, por sus siglas en inglés). Para ello, se seleccionaron colonias aisladas y previamente caracterizadas bioquímicamente, las cuales fueron enviadas a la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Nacional Autónoma de México (FMVZ-UNAM), donde se llevó a cabo el análisis instrumental.

Cada aislamiento fue procesado a partir de una colonia fresca, la cual se aplicó directamente sobre la placa metálica (target plate) del equipo MALDI-TOF. Posteriormente, se añadió una gota de matriz compuesta por ácido  $\alpha$ -ciano-4-hidroxicinámico (HCCA) y se dejó secar a temperatura ambiente. Las placas preparadas se introdujeron en el espectrómetro para la adquisición de los espectros proteicos (Calderaro y Chezzi, 2024).

Los espectros resultantes pudieron ser comparados con la base de datos de referencia que ofrece el sistema, validando la identificación de bacterias entéricas, con lo que podemos ratificar la identidad de los aislamientos a nivel género y especie, dicha ratificación se obtuvo si siguen los criterios del fabricante, que consideró valores > 2.0 como identificación de alta confiabilidad y valores de 1.70 y 1.99 como probable identificación (Calderaro y Chezzi, 2024).

### **5.10. Identificación serológica**

La serotipificación de los aislamientos se realizó mediante serología en placas de microaglutinación, siguiendo el esquema de Kauffmann–White descrito por Brenner et al. (2000) y conforme a las recomendaciones establecidas en la NOM-114-SSA1-1994. Para la determinación de los antígenos somáticos O, se procedió a la obtención del antígeno correspondiente y se emplearon sueros polivalentes anti-O para los grupos A, B, C, D, E, F y G, de acuerdo con lo reportado por De la Garza-García et al. (2020).

La identificación del antígeno flagelar H en fase I y fase II se llevó a cabo utilizando antisueros específicos de las series 1, 2, 3 y 4, así como los complejos EN complex, L complex e I complex de la marca DIFCO. Adicionalmente, se emplearon sueros monovalentes para confirmar las reacciones observadas. La interpretación final de los perfiles antigénicos se realizó empleando el sistema de antisueros Spicer–Edwards, según los lineamientos de Grimont y Weill (2019).

Este procedimiento permitió establecer de manera precisa los serotipos de *Salmonella* spp. aislados, clasificándolos de acuerdo con el estándar internacionalmente aceptado para la determinación antigénica del género.

### 5.11. Resistencia fenotípica

La evaluación de la resistencia bacteriana a los antimicrobianos se realizó mediante la técnica de Kirby-Bauer estandarizada por el National Committee for Clinical Laboratory Standards ((NCCLSa, 2004; NCCLb, 2004). Los patrones de resistencia de las cepas serán probados contra 12 antibióticos (Tabla 7).

Tabla 7. Antibióticos utilizados en sensidiscos

Antibiótico	Acrónimo	Concentración
Amikacina	AK	9 µg
Ampicilina	AM	10 µg
Carbenicilina	CB	100 µg
Cefalotina	CF	30 µg
Cefotaxima	CFX	30 µg
Ciprofloxacino	CPF	5 µg
Cloranfenicol	CL	30 µg
Gentamicina	GE	10 µg
Netilmicina	NET	30 µg
Nitrofurantoina	NF	300 µg
Norfloxacino	NOF	10 µg
Sulfametoxazol/Trimetoprim	STX	25 µg

El inóculo bacteriano se ajustó a una turbidez equivalente a 0.5 de la escala de McFarland y se sembró en Agar Mueller Hinton con un hisopo estéril y sobre el inóculo se colocaron los sensidiscos. Se incubaron por  $24 \pm 2$  h a  $37^\circ$  C. La lectura de esta técnica se realizó midiendo los halos de inhibición en mm. Se compararon con las tablas de interpretación de acuerdo al National Committee for Clinical Laboratory Standards (NCCLSa, 2004; NCCLb, 2004).

### 5.12. Extracción de DNA

Los aislados se sembraron en agar de soja tripticasa (TSA) y se incubaron a  $30^\circ$  C durante 24 h; posteriormente, una colonia se suspendió en 200 µL de agua destilada estéril y se incubó

a 100 °C durante 10 min y se realizó este procedimiento por triplicado antes de utilizarse directamente en las reacciones de PCR (Reyes-Rodríguez et al., 2015).

### 5.13. Detección de genes de resistencia.

Con la finalidad de identificar genes que codifican resistencia bacteriana, se utilizó la técnica molecular de PCR punto final (Carmosino et al., 2022). Para ello se emplearon iniciadores específicos dirigidos a distintos genes de resistencia, y las condiciones de corrida se establecieron conforme a los protocolos previamente estandarizados. Las reacciones incluyeron las concentraciones apropiadas de buffer, cloruro de magnesio (MgCl<sub>2</sub>), dNTPs, iniciadores Forward y Reverse, agua libre de nucleasas (H<sub>2</sub>O), Taq polimerasa y ADN.

Tabla 8. Genes de resistencia antibiótica usados en este estudio

<b>Gen</b>	<b>Primers</b>	<b>PCR Primer Sequence 5'-3'</b>	<b>pb</b>
Pse1	<i>pse1</i>	GGCAATCACACTCGATGATGCGT GGCTCAATACGGTCTAGACGAGT	<b>156</b>
Str	<i>str</i>	AGACGCTCCGCGCTATAGAAGT CGGACCTACCAAGGCAACGCT	<b>203</b>
<i>FloR</i> R	<i>floR</i>	CTTTGGCTATACTGGCGATG GATCATTACAAGCGCGACAG	<b>266</b>
ParC	<i>parC</i>	CTTGAGGACATCATGGGAGAG TTCCGTATCGTCAAAGTTCC	<b>423</b>
Sul1	<i>sul1</i>	CGGATCAGACGTCGTGGATGT TCGAAGAACCGCACAAATCTCGT	<b>351</b>
TetG	<i>tetg</i>	AGCAGCCTCACCATTGCCGAT GGTGTTCCTACTGAAAACGGTCCT	<b>391</b>

### 5.14. Análisis estadístico

Los resultados fueron evaluados por medio de la prueba de prueba  $\chi^2$  de Pearson y F Fisher (Wayne, 2006). La asociación entre la presencia de animales portadores y la contaminación de la canal, se realizará mediante una tabla de contingencia de 2x2 a través de la Razón de Momios con Intervalos de Confianza al 95%, bajo el siguiente razonamiento.

La relación entre la presencia de resistencia fenotípica con presencia genotípica de resistencia antibiótica se realizará por medio de tabla de contingencia de 2x2 a través de la Razón de Momios con intervalo de confianza al 95% como se refiere en la Tabla 9.

Tabla 9. Tabla de contingencia 2x2

<b>RAZÓN</b>	<b>CANAL CONTAMINADA</b>	<b>CANAL NO CONTAMINADA</b>
PORCINO PORTADOR	(+)(+)	(+)(-)
PORCINO NO PORTADOR	(-)(+)	(-)(-)

## 6. Resultados

El análisis de riesgo realizado en cuatro rastros municipales dedicados al faenado de cerdos permitió identificar las principales deficiencias estructurales, operativas y sanitarias que pueden comprometer la inocuidad y calidad de la carne destinada al consumo humano. Mediante la aplicación de un cuestionario de COFEPRIS (Anexo 1), se evaluaron aspectos relacionados con infraestructura, accesos, corrales, procesos ante y post mortem, manejo de vísceras, disposición de residuos, sistemas de agua, separación de áreas, capacitación del personal y registros operativos. Los puntajes obtenidos permitieron clasificar a cada rastro en niveles de riesgo sanitario.

Este tipo de evaluaciones es fundamental para identificar puntos críticos y orientar acciones correctivas en cumplimiento con la NOM-194-SSA1-2004, NOM-008-ZOO-1994, NOM-009-ZOO-1994 y lineamientos del Codex Alimentarius en materia de faenado higiénico.

El rastro A se ubica en una zona urbana, pero presenta múltiples deficiencias relacionadas con infraestructura, prácticas sanitarias y gestión operativa. Aunque cuenta con rampa de desembarco, corral de descanso y áreas delimitadas, carece de cercado perimetral y de un sistema adecuado de inspección ante mortem, ya que ésta no se realiza de manera formal y no existe personal veterinario responsable.

El sacrificio se realiza mediante insensibilización y corte de carótidas, pero no se recolecta la sangre ni se destina a un proceso específico. El faenado aéreo no se lleva a cabo, lo que incrementa el riesgo de contaminación por contacto con superficies sucias. El depilado se realiza de manera manual y no se cuenta con esterilización entre cuchillos, generando un riesgo significativo de contaminación cruzada.

El manejo de vísceras es inadecuado; se colocan en superficies o contenedores inapropiados (categoría 5), no hay separación física entre vísceras verdes y rojas, y no existen salas delimitadas para su manejo. Tampoco se cuenta con incinerador ni planta de rendimiento, y las vísceras decomisadas se desechan en basureros.

El agua utilizada no siempre es potable, y las aguas residuales se descargan en drenaje público sin tratamiento. No existen cámaras de refrigeración para canales o vísceras, ni registros de entrada de animales. A pesar de que se realiza limpieza al final de la jornada, la suma de deficiencias coloca al rastro en riesgo sanitario alto (Tabla 10).

El rastro B también se encuentra en zona urbana, con acceso pavimentado y cercado perimetral. Cuenta con rampa de desembarco, corrales y áreas delimitadas. La inspección ante mortem se realiza, aunque no siempre por un médico veterinario.

El proceso de sacrificio incluye insensibilización y corte de carótidas; sin embargo, la sangre no se recolecta ni se destina a procesos productivos, y no existe faenado aéreo. El depilado se realiza manualmente, lo cual incrementa el riesgo de contaminación, aunque se cuenta con esterilización de cuchillos y el personal presenta capacitación básica.

Las vísceras se depositan principalmente en contenedores de plástico (categoría 2), y existe separación entre vísceras verdes y rojas, aunque no se cuenta con salas independientes para su manejo. No existe incinerador ni planta de rendimiento; los decomisos se envían a basureros municipales.

El agua es potable y proviene de red pública, aunque su distribución depende del almacenamiento interno. Las aguas residuales se canalizan al drenaje público sin tratamiento. Se cuenta con cámaras de refrigeración para canales y vísceras, así como registros operativos. La combinación de fortalezas y debilidades posiciona a este rastro en un riesgo sanitario medio (Tabla 10).

El rastro D presenta severas deficiencias a pesar de ubicarse en zona urbana. Aunque cuenta con rampa de desembarco, corrales y áreas delimitadas, la inspección ante mortem se realiza de forma irregular y no siempre por personal médico veterinario.

El proceso de sacrificio no incluye colecta de sangre, no se realiza faenado aéreo y el depilado se lleva a cabo de manera manual. La esterilización del equipo no se realiza entre canales. El personal carece de capacitación suficiente, no tiene tareas definidas y la vestimenta de trabajo es incompleta.

Las vísceras frecuentemente se depositan en superficies inadecuadas o de difícil sanitización (categoría 3). No existe separación formal entre vísceras verdes y rojas, ni salas específicas para su manejo. Tampoco se cuenta con incinerador ni planta de rendimiento. Los decomisos son enviados a basureros municipales.

El agua utilizada no es potable de forma consistente; además, las aguas residuales se vierten a sistemas naturales como canales o arroyos, sin tratamiento. No existen cámaras de refrigeración ni registros operativos. La acumulación de fallos críticos en infraestructura, operación y bioseguridad coloca al rastro en riesgo sanitario alto (Tabla 10).

El rastro E presenta también condiciones deficientes en varios puntos del proceso. Aunque cuenta con corrales y áreas delimitadas, la inspección ante mortem no se realiza de forma adecuada. El sacrificio sí incluye insensibilización y corte de carótidas, pero no existe colecta de sangre ni faenado aéreo.

El depilado es manual, la esterilización no está garantizada y el personal carece de tareas definidas, capacitación formal y equipo de protección completo. Las vísceras suelen manejarse en contenedores básicos (categoría 2 o 3) y no existen salas independientes para su tratamiento. No se cuenta con planta de rendimiento ni incinerador.

El agua utilizada no es potable en todo momento y se almacena dentro de las instalaciones. Las aguas residuales se descargan a cuerpos de agua sin tratamiento. No existen cámaras de refrigeración ni registros de animales. En consecuencia, el rastro E se clasifica también como riesgo sanitario alto (Tabla 10).

Tabla 10. Puntaje y nivel de riesgo obtenido de rastros municipales de la zona centro de México.

<b>Rastro</b>	<b>Puntaje</b>	<b>Nivel de riesgo</b>
RA	100	Alto
RB	77	Medio
RD	109	Alto
RE	97	Alto

Los cuarenta aislamientos analizados presentaron un perfil bioquímico homogéneo en todas las pruebas realizadas. En el medio TSI se observó fermentación de glucosa, ausencia de fermentación de lactosa y producción de sulfuro de hidrógeno (H<sub>2</sub>S), sin evidencia de producción de gas. En la prueba de citrato, todos los aislamientos fueron negativos, indicando que no utilizan citrato como única fuente de carbono.

En el medio LIA se detectó descarboxilación positiva de lisina, acompañada nuevamente de producción de H<sub>2</sub>S, sin formación de gas. De manera consistente, en el medio Kligler se confirmó la fermentación de glucosa, la no fermentación de lactosa, y la producción de H<sub>2</sub>S, sin generación de gas.

Las pruebas de ureasa resultaron negativas para todos los aislamientos. En el medio SIM, los microorganismos fueron negativos a la producción de índol, positivos a la producción de H<sub>2</sub>S y móviles, lo que concuerda con el comportamiento típico de enterobacterias móviles.

En cuanto a la fermentación de carbohidratos y aminoácidos, todos los aislamientos fueron negativos en malonato, positivos en lisina, y negativos en arginina y ornitina, lo que confirma un perfil metabólico específico. Finalmente, en las pruebas de metabolismo ácido-básico, todos fueron positivos a rojo de metilo y negativos a Voges-Proskauer, indicando un metabolismo fermentativo estable con producción de ácidos fuertes como producto final.

A partir de las 59 muestras recolectadas directamente de canal mediante el método no destructivo, se obtuvo una prevalencia de *Salmonella* spp. del 17%. En total, 12 canales resultaron positivas, mientras que 47 (83%) fueron negativas. Estos resultados indican una presencia moderada del patógeno en superficies de canal, aunque inferior a la observada comúnmente en establecimientos con fallas higiénico-sanitarias.

En las 59 muestras de materia fecal colectadas durante la evisceración, la prevalencia de *Salmonella* spp. fue del 16%. En total, 11 muestras resultaron positivas, mientras que 48 (84%) fueron negativas. La frecuencia detectada en heces sugiere que una proporción similar de animales portaba la bacteria en el tracto gastrointestinal.

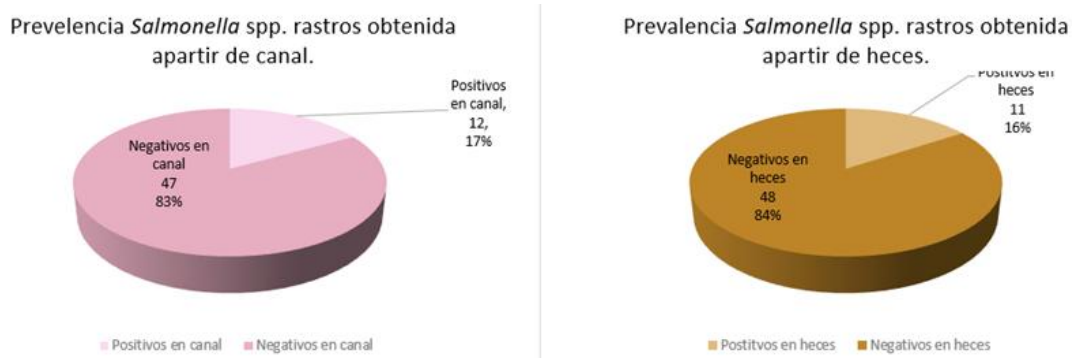


Figura 16. Prevalencia de *Salmonella* spp. obtenida a partir de muestras de canal y heces en rastros municipales.

Entre los animales portadores, 6 positivo en canal y en heces de un total de 11 (55%) presentaron positividad en canal, mientras que 5 positivos solo en heces de 11 muestras (45%) resultaron negativos. En los animales no portadores, 7 de 48 (15%) fueron positivos en canal y 41 (85%) negativos (Tabla 11; Figura 16). Estos resultados muestran que la contaminación de la canal se presentó tanto en animales portadores como en no portadores, aunque la proporción fue mayor en los primeros.

Tabla 11. Resultado tabla de contingencia 2x2 la relación entre canales contaminadas y no contaminadas y animales portadores (muestreo en heces) y no portadores de *Salmonella*.

	Canal positivo para aislamiento de <i>Salmonella</i> spp.	Canal negativa para aislamiento de <i>Salmonella</i> spp.	Total
<b>Animales portadores de <i>Salmonella</i> spp.</b>	6	5	11
<b>Animales no portadores de <i>Salmonella</i> spp.</b>	7	41	48
<b>Total</b>	13	46	59

Con los resultados obtenidos se evaluó la relación entre canales positivas y no positivas para aislamientos de *Salmonella* spp. y su relación en animales portadores y no portadores (Ver tabla 11) en el que el resultado de ji-cuadrada fue 8.32 con una  $P = <0.05$  (3.84) lo que se traduce en la probabilidad de encontrar canales contaminadas o no contaminadas están asociadas a la condición de portador o no portador de los cerdos con un nivel de significancia del 5 %.

Además, por medio de la tabla pudimos obtener el Odds ratio y este fue de 7.02 IC=1.67 <OR< 29.43 P=<0.05 lo que nos indica una relación fuerte y significativa en la que podemos decir que las canales provenientes de cerdos portadores de *Salmonella* spp. tiene 7 veces más probabilidades de ser colonizadas que los que no se pueden, igualmente se calculó el Riesgo Relativo (RR) donde el resultado fue 3.74 que podemos traducirlo en: el grupo expuesto tiene 3.74 veces más de riesgo. Con los siguiente podemos afirmar que existe una asociación entre la presencia de positivos a *Salmonella* de cerdos portadores y canales.

En total se obtuvieron cuarenta aislamientos de *Salmonella* spp. provenientes de los rastros evaluados. Tras la identificación de sus antígenos somáticos (O) y flagelares (H), fue posible determinar los serotipos presentes y su distribución. El análisis mostró que *Salmonella* Derby fue el serotipo ampliamente predominante, representando 32 de los 40 aislamientos, lo que equivale al 80% del total. Este serotipo se caracterizó de manera consistente por los antígenos somáticos O:4,12 y los flagelares f,g, lo cual indica una circulación estable y homogénea en los rastros donde fue identificado.

Además de Derby, se detectaron otros serotipos en menor proporción. En el rastro A se identificaron cinco aislamientos del serotipo *Salmonella* Give, lo que corresponde al 12.5% del total. Este serotipo presentó el perfil antigénico O:3,15 y 1,v/H7. Asimismo, en el mismo rastro se aislaron dos cepas pertenecientes a *Salmonella* Anatum, equivalentes al 5%, caracterizadas por los antígenos O:3,15 y e,h/H6. La presencia de estos serotipos minoritarios en un solo rastro sugiere una mayor diversidad epidemiológica en este establecimiento, posiblemente asociada con diferencias en la procedencia de los animales o con variaciones en las condiciones de manejo previo al sacrificio.

Por otra parte, en el rastro B se detectaron dos aislamientos del serotipo *Salmonella* Newport, los cuales también representan el 5% del total. Este serotipo mostró los antígenos somáticos O:6,8 y los flagelares e,h/H2, lo que evidencia que su presencia es específica de este rastro y no se distribuye de manera generalizada entre los establecimientos evaluados.

El análisis global muestra que la distribución de serotipos es heterogénea entre los rastros. Mientras que los rastros D y E presentaron exclusivamente aislamientos del serotipo Derby (100% de sus aislamientos), el rastro A presentó la mayor variabilidad, con la presencia de Derby, Give y Anatum. A su vez, el rastro B se caracterizó por la presencia del serotipo Newport junto con Derby, aunque en menor proporción. Esta distribución refuerza que *Salmonella* Derby domina ampliamente en los sistemas de producción y faenado evaluados, mientras que los demás serotipos aparecen de forma focal en rastros específicos.

En conjunto, los resultados confirman que *Salmonella* Derby constituye el principal serotipo circulante asociado a los cerdos sacrificados en los rastros estudiados, con un nivel de prevalencia del 80%, seguido por *S. Give* (12.5%), *S. Anatum* (5%) y *S. Newport* (5%). La presencia de múltiples serotipos en un mismo rastro también sugiere diferencias en bioseguridad, control sanitario y origen de los animales, factores que deben considerarse para la interpretación epidemiológica del hallazgo.

Tabla 12 Identificación serológica y distribución de serotipos de *Salmonella* según antígenos somáticos (O) y flagelares (H) en rastros municipales.

ID	Rastro	Canal/ heces	Género	Antígenos			Serotipo
				Somático "O"	Flagelar "H"		
					F 1	F2	
1		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O3,15	e,h	H6	Anatum
2		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O3,15	e,h	H6	Anatum
3		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O3,15	l,v	H7	Give
4		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
5		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O3,15	l,v	H7	Give
6		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O3,15	l,v	H7	Give
7		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
8		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O3,15	l,v	H7	Give
9		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
10	A	Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
11		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
12		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
13		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
14		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
15		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
16		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
17		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
18		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
19		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
20		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby

21		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
22		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
23		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
24		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
25	<b>B</b>	Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O6,8	e,h	H2	Newport
26		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O6,8	e,h	H2	Newport
27		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
28		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
29		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
30	<b>D</b>	Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
31		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
32		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
33		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
34		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
35		Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
36		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
37	<b>E</b>	Heces	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
38		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
39		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby
40		Canal	<i>Salmonella</i> spp.	O4 ,12	f,g	[1,2]	Derby

Tabla 13. Perfil de resistencia (R), susceptibilidad (S) e intermedio (I) a diferentes antimicrobianos en 40 aislados de *Salmonella* spp. obtenidos de muestras de canal y heces. CB:Carbenicilina; CF:Cefalotina; CFX:Cefotaxima; AK:Amikacina; GE: Gentamicina; NET:Netilmicina; CL:Cloranfenicol; NF:Nitrofurantoina; CPF:Ciprofloxacino; NOF:Norfloxacino; STX:Sulfametoxazol/Trimetopim.

ID	AM	CB	CF	CFX	GE	AK	NET	CL	NF	CPF	NOF	STX	TE
1	R	R	R	I	S	S	S	S	R	S	S	R	R
2	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	R
3	R	R	R	R	R	I	S	S	R	S	S	S	R
4	R	R	R	R	S	S	I	I	R	S	S	S	R
5	R	R	R	I	S	S	S	S	R	S	S	S	R
6	R	R	R	I	S	S	S	S	S	S	S	S	R
7	R	R	R	I	I	S	S	S	R	I	I	S	R
8	R	R	I	I	S	R	S	S	R	S	S	S	R
9	R	R	I	R	S	S	R	S	R	S	S	S	R
10	R	R	R	R	I	I	S	S	R	I	S	S	R
11	R	R	I	R	S	S	S	I	I	I	S	S	R
12	R	R	R	R	S	S	S	S	R	S	R	S	R
13	R	R	I	I	S	S	S	I	R	I	I	S	R
14	R	R	R	R	R	S	R	I	R	R	R	I	R
15	R	R	S	S	R	S	S	I	I	S	R	R	R
16	R	R	R	S	I	R	S	S	R	I	S	S	R
17	R	R	R	I	S	S	S	I	R	I	S	S	R
18	R	R	R	R	S	R	S	I	R	I	S	S	R
19	R	R	R	R	S	I	S	S	I	I	S	S	R
20	R	R	R	R	I	S	S	I	R	I	S	S	R
21	R	R	I	R	S	I	S	I	R	I	S	S	R
22	R	R	R	R	I	S	S	I	R	R	S	I	R
23	R	R	R	R	I	S	S	I	R	I	S	S	R
24	R	R	R	R	R	S	S	I	R	R	S	I	R
25	R	R	R	R	I	S	S	R	R	I	S	R	R
26	R	R	R	R	I	I	S	R	R	S	S	R	R
27	R	R	R	R	S	S	S	R	R	I	I	I	R
28	R	R	I	R	I	S	S	S	R	I	S	S	R
29	R	S	R	R	R	S	S	I	R	I	S	R	R
30	R	S	I	R	S	S	R	I	I	I	I	S	R
31	R	R	R	R	I	R	I	R	R	I	I	S	R
32	R	R	I	R	S	S	S	I	R	S	S	S	R
33	R	R	I	R	S	S	S	S	R	I	S	S	R
34	R	R	R	I	R	S	S	R	I	I	I	R	R
35	R	R	I	I	S	I	S		R	S	S	R	R
36	R	R	R	I	S	S	S	I	R	S	S	S	R

ID	AM	CB	CF	CFX	GE	AK	NET	CL	NF	CPF	NOF	STX	TE
37	R	R	I	I	S	I	S	S	R	S	S	S	R
38	R	R	I	R	S	S	S	I	R	I	S	S	R
39	R	R	R	R	S	S	S	S	R	I	S	S	R
40	R	R	R	I	S	S	S	S	R	S	S	R	R

La evaluación de la resistencia fenotípica de los aislamientos de *Salmonella* spp. mostraron patrones diferenciados frente a los distintos antimicrobianos analizados. En la Figura 17 se observa que los niveles de resistencia (barras rojas) fueron particularmente elevados para varios antibióticos, destacando los casos de AMP (ampicilina), CB (cefalotina), CRO (ceftriaxona), NIT (nitrofurantoína) y TE (tetraciclina), donde la mayoría de los aislamientos presentaron resistencia marcada. Estos antibióticos exhibieron las barras rojas de mayor altura, lo que indica que representan los fármacos con mayor proporción de cepas resistentes en el estudio.

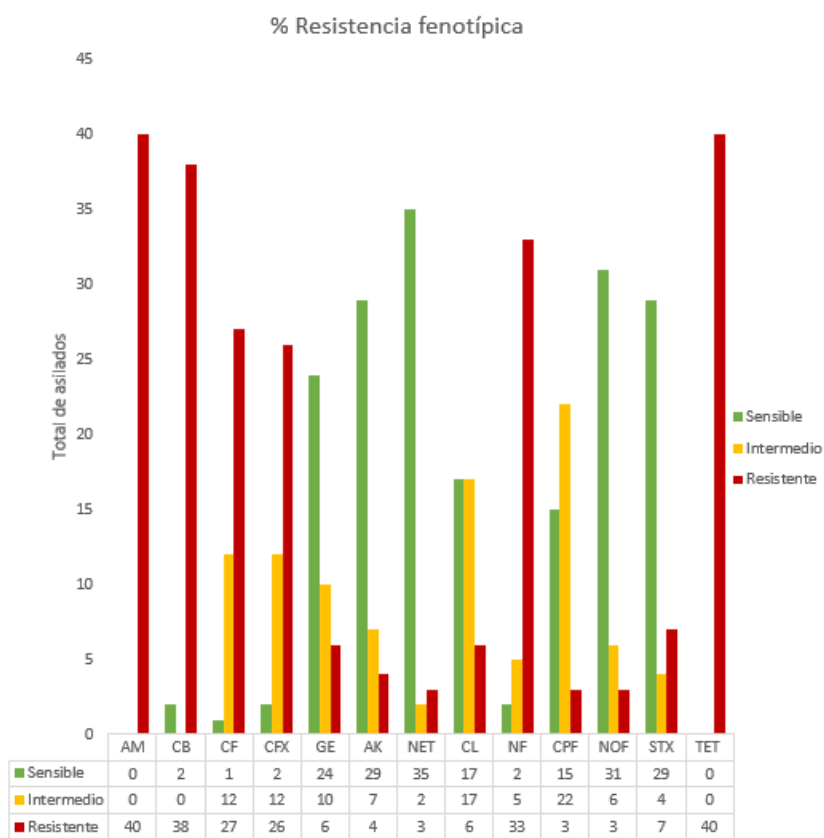


Figura 17. Gráfica de barras resistencia antibióticos sensibles, intermedio y resistente; AM: Ampicilina; CB:Carbenicilina; CF:Cefalotina; CFX:Cefotaxima; AK:Amikacina; GE: Gentamicina; NET:Netilmicina; CL:Cloranfenicol; NF:Nitrofurantoina; CPF:Ciprofloxacino; NOF: Norfloxacino; STX: Sulfametoxazol/trimetoprim; TET:Tetraciclina

Por el contrario, se identificaron antibióticos con alta sensibilidad (barras verdes), entre ellos ATM (aztreonam), AMK (amikacina), GEN (gentamicina), WGF (sulfametoxazol-trimetoprim) y STX, los cuales mostraron predominio de aislamientos sensibles y una baja

proporción de resistencia. Las barras verdes alcanzaron las alturas más elevadas dentro de estos grupos, evidenciando que estos antimicrobianos se mantienen como opciones terapéuticas más eficaces frente a las cepas evaluadas.

Asimismo, algunos antibióticos presentaron un número considerable de aislamientos clasificados como intermedios (barras amarillas), particularmente CFP (cefalexina), CFRX, AK, MET y CPF, lo que sugiere una disminución gradual de la sensibilidad y un posible riesgo de generación de resistencia en el futuro. Estas barras amarillas, aunque de menor altura que las de sensibilidad o resistencia, reflejan un comportamiento transicional que requiere vigilancia continua.

En conjunto, los resultados muestran que existen antibióticos con resistencia muy elevada, evidenciando presión antimicrobiana y posible selección de cepas multirresistentes. Al mismo tiempo, otros antibióticos siguen siendo efectivos, aunque la presencia de perfiles intermedios indica la necesidad de monitoreo permanente. Esto confirma la variabilidad del comportamiento fenotípico entre serotipos y destaca la importancia de implementar programas de uso racional de antimicrobianos en la cadena productiva.

El análisis del perfil de resistencia antimicrobiana mostró cuatro categorías principales de respuesta entre los aislamientos evaluados. La mayoría de las cepas (57.5%, n=23) presentaron un patrón de multirresistencia, definido como resistencia a tres o más familias de antimicrobianos. En segundo lugar, se observó un 27.5% (n=11) de aislamientos con resistencia extendida, caracterizada por presentar sensibilidad únicamente a uno o dos antimicrobianos del panel evaluado. Por otro lado, un 15% (n=6) de las cepas fueron clasificadas como resistentes, es decir, mostraron resistencia al menos a un antimicrobiano, pero menos de tres. Finalmente, no se identificaron aislamientos con panresistencia, categoría que implica resistencia a todos los antimicrobianos evaluados.

Estos resultados evidencian una alta proporción de aislamientos con patrones de resistencia múltiples, lo cual representa un riesgo relevante desde la perspectiva de la salud pública, la producción pecuaria y la inocuidad alimentaria.

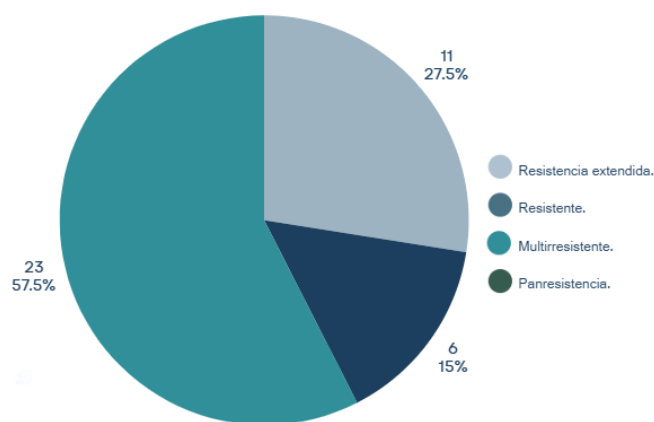


Figura 18. Gráfica de pastel clasificación y porcentaje de aislados; Panresistente, Multirresistente, Resistente y Resistencia extendida.

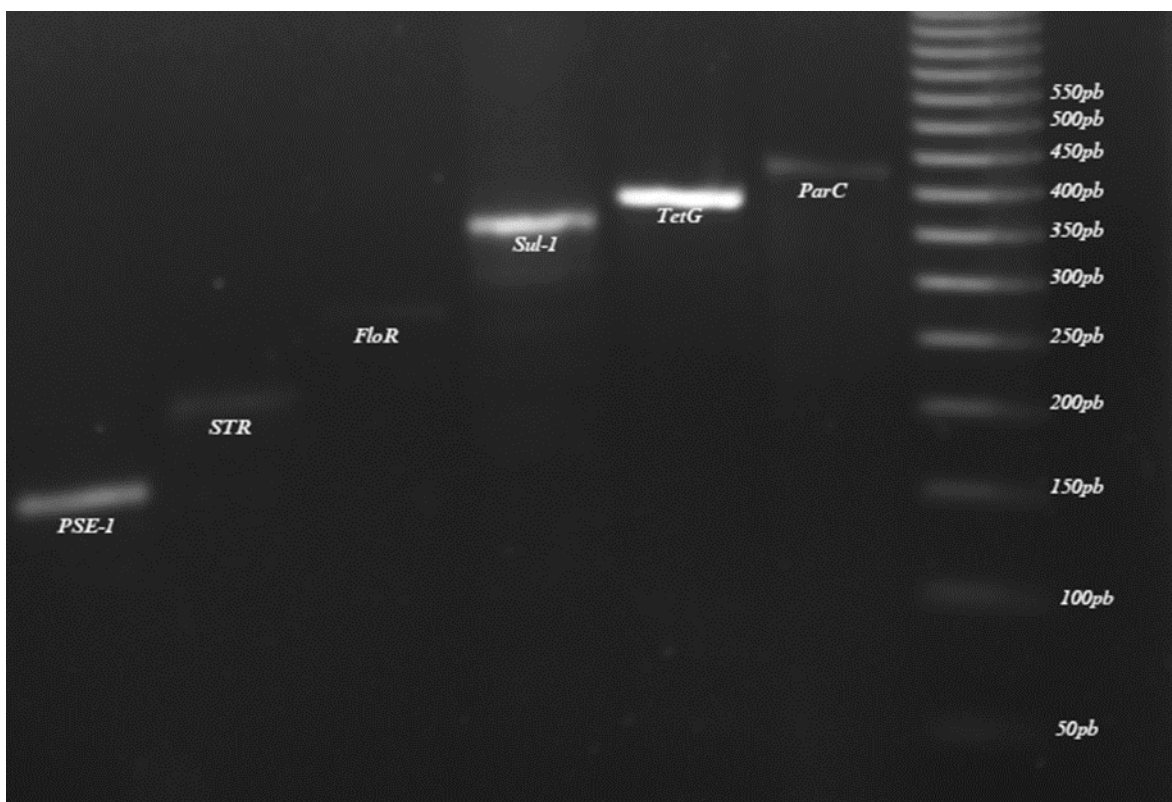


Figura 19. Banda diagnostica de los genes PSE-1 (156pb), STR (203pb) , Flo R (266pb), Sul-1 (351pb), Tet G (391pb), Par C (417 pb) en gel de agarosa al 2.0 % Marcador de peso 50-800 pb. Salmonella spp.

Se evaluó la presencia/ausencia de genes que codifican a resistencia antibioticos en la Figura 19 se identifica la presencia de banda de cada gen en la gel de agarosa identificando *PSE-1* (156pb), *STR* (203pb) , *Flo R* (266pb), *Sul-1* (351pb), *Tet G* (391pb), *Par C* (417 pb), se realizó el vaciado de los resultados en la Tabla 14 en la que se observa la presencia o la ausencia de cada gen en cada aislado.

Tabla 13. Resultados de la presencia/ausencia de genes que codifican a resistencia en aislados de *Salmonella* spp.

ID	<i>PSE1</i>	<i>FloR</i>	<i>STR</i>	<i>SulI</i>	<i>Tetg</i>	<i>ParC</i>
1	-	-	-	-	+	+
2	-	-	-	-	+	-
3	-	-	-	-	-	+
4	+	-	-	-	-	+
5	+	-	-	-	+	+
6	-	-	-	-	-	+
7	-	-	+	+	-	+
8	+	-	+	+	+	+
9	+	-	+	+	+	+

<b>10</b>	-	-	+	+	-	+
<b>11</b>	+	-	+	+	-	+
<b>12</b>	+	-	+	+	-	+
<b>13</b>	+	-	+	+	-	+
<b>14</b>	+	-	+	+	-	-
<b>15</b>	+	-	+	+	-	+
<b>16</b>	+	-	+	+	-	+
<b>17</b>	+	-	+	+	-	-
<b>18</b>	+	-	+	+	-	+
<b>19</b>	+	-	+	+	-	+
<b>20</b>	+	-	+	+	-	+
<b>21</b>	+	-	+	+	-	-
<b>22</b>	+	-	+	+	-	-
<b>23</b>	+	-	-	-	-	+
<b>24</b>	+	-	+	+	-	+
<b>25</b>	+	+	+	+	-	-
<b>26</b>	+	+	+	+	-	-
<b>27</b>	+	-	+	+	-	-
<b>28</b>	+	-	+	+	-	-
<b>29</b>	+	-	+	+	-	-
<b>30</b>	+	-	+	+	-	-
<b>31</b>	+	-	+	+	-	-
<b>32</b>	+	-	+	+	-	-
<b>33</b>	+	-	+	+	-	-
<b>34</b>	+	-	+	+	-	-
<b>35</b>	-	-	+	+	-	-
<b>36</b>	-	-	+	+	-	-
<b>37</b>	-	-	+	+	-	+
<b>38</b>	+	-	+	+	-	-
<b>39</b>	-	-	+	+	-	-
<b>40</b>	-	-	+	+	-	-

## 7. Discusión

Los resultados obtenidos en la evaluación sanitaria de los rastros municipales dedicados al faenado de cerdos evidencian un patrón consistente de deficiencias estructurales, operativas y de bioseguridad, que comprometen de manera significativa la inocuidad de la carne destinada al consumo humano. De los cuatro rastros evaluados, tres (A, B, D y E) fueron clasificados con riesgo sanitario alto, mientras que únicamente uno (B) mostró un riesgo medio, debido principalmente a una mejor organización operativa y la existencia de cámaras de refrigeración y registros de operación.

Es importante considerar que el músculo, por naturaleza, es un tejido estéril, por lo que el perfil bacteriológico que presenta la carne al final del proceso depende directamente de todas las prácticas realizadas durante el sacrificio, evisceración y faenado. En este sentido, Signorini et al. (2006) señalan que la carga microbiana de la carne fresca es el reflejo de las condiciones higiénicas bajo las cuales se llevó a cabo el proceso. Esto refuerza la relevancia del análisis de riesgo en rastros, ya que permite identificar fallas que pueden aumentar la probabilidad de contaminación. Como indican Cook et al. (2017), la evaluación de riesgos en mataderos constituye una herramienta no invasiva para detectar puntos críticos en los que puede producirse contaminación fecal, cruzada o ambiental.

Una de las deficiencias más marcadas es la falta de inspección ante mortem, la cual es obligatoria según la NOM-008-ZOO-1994 y fundamental para prevenir que animales enfermos ingresen al proceso de faenado. La ausencia de personal médico veterinario o personal capacitado incrementa la posibilidad de incorporar animales con enfermedades sistémicas o lesiones infecciosas, lo cual coincide con estudios donde esta omisión ha sido asociada con mayor presencia de *Salmonella* spp., *E. coli* y otros patógenos en canales.

Asimismo, en la mayoría de los rastros se identificó ausencia de faenado aéreo, lo cual incrementa la contaminación por contacto con superficies. El faenado en el suelo o mediante maniobras manuales extensivas es considerado por el Codex Alimentarius (CAC/RCP 58-2005) como una de las principales prácticas de riesgo, especialmente cuando se combina con la falta de esterilización de cuchillos y equipo entre canales, como ocurre en RA, RD y RE.

El manejo de vísceras constituye un punto crítico en el proceso de faenado, ya que la evisceración y manipulación de las canales representan etapas con alto riesgo de contaminación cruzada. Por ello, las instalaciones y procedimientos deben diseñarse de manera que se minimice la contaminación microbiológica de la carne (Codex Alimentarius Commission [CAC], 2005).

En cuanto al agua y saneamiento, se observó que algunos rastros utilizan agua de pozo sin controles de potabilidad y ninguno cuenta con sistemas de tratamiento de aguas residuales. Este hallazgo resulta relevante, ya que el agua empleada en el escaldado y lavado de las canales puede actuar como vehículo de transmisión microbiana, especialmente cuando no existe recambio adecuado o cuando su origen no cumple con criterios de potabilidad (Codex Alimentarius Commission [CAC], 2005; Secretaría de Salud, 2010)

La falta de instalaciones de refrigeración es otro de los factores determinantes del alto riesgo observado. La ausencia de cámaras de enfriamiento permite que las canales permanezcan a

temperaturas de riesgo por periodos prolongados, favoreciendo la proliferación de bacterias psicrotóficas y enteropatógenas. Estudios previos han demostrado que la refrigeración inmediata es una de las medidas más efectivas para reducir la carga microbiana inicial (Xue et al., 2023).

Finalmente, la poca capacitación del personal, la falta de equipo de protección y la ausencia de tareas claramente definidas reflejan un déficit estructural en la cultura de inocuidad. La literatura indica que la intervención humana es uno de los principales factores asociados a errores operativos y contaminación cruzada (Kirchner et al., 2021), lo cual se ve reflejado en los rastros con mayores puntuaciones de riesgo.

Estos hallazgos subrayan la necesidad de reforzar la modernización de los rastros municipales, impulsar la profesionalización del personal, implementar programas formales de BPM y establecer sistemas de vigilancia sanitaria continua.

La presencia de bacteria patógenas se ha convertido en un grave problema de salud pública por su capacidad de contaminar la cadena de producción de alimento, las enfermedades diarreicas representan la mitad de la carga mundial de enfermedades y estas son provocadas por 31 agentes (WHO, 2015), en la región de las Américas los agentes *Norovirus*, *Comylobacter*, *E. coli* y *Salmonella no tifoidea* se les atribuye el 95% de los casos de enfermedades transmitidas por alimentos.

Los métodos y las pruebas de referencia como lo marca la normativa vigente mexicana (NOM-210-SSA1-2014, 2014) para la detección de microorganismos se basa en pruebas que utilizan cualidades fenotípicas para identificar a los microorganismos como características de crecimiento, morfología de colonias etc., en su mayoría estos rasgos están involucrados en su patogenicidad es por tal que en medios como SS y XLD se fueron seleccionados por medio de identificación visual de morfología colonial.

Las pruebas bioquímicas permiten establecer la pertenencia a un género o especie y, además, proporcionan información relevante sobre rutas metabólicas, fermentación de carbohidratos, producción de compuestos nitrogenados, movilidad y otros rasgos fisiológicos. Este enfoque es ampliamente recomendado por normas internacionales como la ISO 6579-1:2017 para la detección e identificación de *Salmonella* spp. en la cadena alimentaria (ISO, 2017), así como por el método de referencia del FDA Bacteriological Analytical Manual (BAM) (Andrews et al., 2020).

En el estudio realizado por Bonilla-Caballero et al. (2022) se emplearon las pruebas bioquímicas de Citrato de Simmons, LIA e Indol, cuyos resultados fueron congruentes con los obtenidos en nuestra investigación. En ambos casos, los aislamientos presentaron un perfil caracterizado por ureasa negativa, Citrato de Simmons positivo e Indol negativo, lo que coincide con el comportamiento bioquímico típico de *Salmonella* spp. Del mismo modo, la investigación de la Torre et al. (2005) analizó la cinética bioquímica de distintas serovariedades del género, observando patrones metabólicos similares a los registrados en nuestros aislamientos, lo que respalda la consistencia de los resultados obtenidos.

Diversos autores han documentado el importante papel que desempeñan las plantas de beneficio cárnico en la propagación de *Salmonella* (EFSA, 2011; FAO & WHO, 2009; WHO, 2015). Argüello et al. (2013) y Botteldoorn et al. (2003) demostraron que múltiples etapas del sacrificio y procesamiento favorecen la dispersión del patógeno. De manera más reciente,

Kivali et al. (2024a) evaluaron la presencia de *Salmonella* spp. en productos cárnicos procesados y empacados, así como en diferentes puntos de la línea de sacrificio. Dicho estudio reportó prevalencias elevadas en hisopos de suelo, con un 46.7% (64/137) de positividad, seguido de 6.6% (8/122) y 30.55% (46/151) en hisopos de carcasa, dependiendo de la etapa evaluada.

Numerosos estudios han documentado la presencia de *Salmonella* no tifoidea durante el sacrificio y el procesamiento de canales porcinas. Piras et al. (2014), en un estudio realizado en Italia, reportaron una prevalencia del 17% en canal y 16% en heces, valores notablemente similares a los obtenidos en nuestra investigación. Asimismo, identificaron que el área más contaminada correspondió a la superficie de la canal, con un 18%, mientras que en muestras fecales la prevalencia fue del 14.4%. Otros trabajos han encontrado prevalencias incluso mayores, alcanzando hasta 26%, en contraste con el estudio de Busser et al. (2011), quienes al homogeneizar diferentes tipos de muestras obtuvieron una prevalencia combinada del 48.2%.

En investigaciones adicionales, como la realizada por Jiu et al. (2020), se reportó una prevalencia del 22.9%, sin diferencias significativas entre los rastros evaluados. En contraste, en nuestro estudio sí se observó una diferencia marcada entre las prevalencias obtenidas en los distintos rastros municipales. Estas variaciones pueden atribuirse a las intervenciones implementadas en cada establecimiento, tal como señalan De Busser et al. (2013), quienes demostraron que las intervenciones aplicadas durante la fase de faenado tienen un mayor impacto en la reducción del riesgo microbiológico y en la disminución de casos en humanos, en comparación con las intervenciones realizadas a nivel de producción primaria.

La utilización de diversos métodos de referencia incrementa la confiabilidad de los resultados obtenidos (Andrews & Ryan, 2015). Por esta razón, además de las pruebas bioquímicas convencionales, se emplearon métodos serológicos para la confirmación del género

*Salmonella* spp., basados en la reacción antígeno-anticuerpo. Este enfoque permitió también determinar las serovariedades presentes mediante la identificación de los antígenos somáticos “O” y flagelares “H”, siguiendo los lineamientos de la NOM-210-SSA1-2014.

Diversos estudios han demostrado la relación epidemiológica entre la prevalencia de *Salmonella* Derby en cerdos y en humanos, confirmando que los cerdos constituyen el principal reservorio de este serovar. En particular, *S. Derby* y *S. Rissen* han sido los serotipos más comúnmente aislados en carcasas de cerdo en investigaciones realizadas en el norte de Italia, lo que coincide con los hallazgos descritos por Di Ciccio et al. (2016). De manera similar, Botteldoorn et al. (2003) reportaron que los serotipos predominantes en plantas de beneficio porcino fueron *S. Derby* y *S. Typhimurium*. Estos antecedentes concuerdan con los resultados de nuestro estudio, en el que *S. Derby* presentó la mayor prevalencia, alcanzando un 80% de los aislamientos obtenidos.

Múltiples regiones del mundo, incluyendo Europa, Oceanía, Asia y América del Norte, *Salmonella* Derby ha sido identificado como uno de los principales serotipos responsables de brotes de enfermedades transmitidas por alimentos, teniendo como principal reservorio los productos cárnicos de origen porcino (Ferrari et al., 2019). Esta asociación se ha

documentado desde la fase de producción porcina: Soliani et al. (2023) reportaron que *S. Derby* fue el tercer serovar más frecuente, con una prevalencia del 9.6% en cerdos vivos.

Asimismo, durante el proceso de sacrificio, Chiu et al. (2006) encontraron una prevalencia del 11.7% (15/128) para *S. Derby* en diferentes etapas del beneficio porcino, lo que evidencia su persistencia a lo largo de la cadena de producción.

En comparación con estos estudios internacionales, los resultados obtenidos en nuestra investigación mostraron una prevalencia notablemente superior, con 80% (32/40) de los aislamientos correspondientes a *S. Derby*. Es importante señalar que este valor representa el porcentaje dentro del total de aislamientos recuperados, lo que refleja una predominancia clara del serovar en la población bacteriana identificada.

Una característica relevante de los aislamientos de *Salmonella Derby* es que este serovar se ha identificado como uno de los más comúnmente aislados tanto en Europa como en América del Norte, particularmente asociado a la producción porcina (Littrup et al., 2010). Además, *S. Derby* ha estado implicado en múltiples brotes de enfermedades transmitidas por alimentos, como lo documentó Luo et al. (2022), quienes reportaron brotes en Dinamarca relacionados con el consumo de carne de cerdo. De manera similar, en Alemania este serotipo fue asociado a productos cárnicos procesados, lo que confirma su importancia epidemiológica en la cadena porcina (Simon et al., 2018).

En México, Nayarit-Ballesteros et al. (2016) identificaron a *S. Derby* como la serovariedad de mayor prevalencia en productos cárnicos comercializados en la Ciudad de México, reforzando su papel como serotipo dominante en animales destinados al consumo humano. Una de las preocupaciones asociadas a este serovar es su alta probabilidad de presentar resistencia a cefalosporinas y otros antimicrobianos. En nuestro estudio, esta tendencia coincidió con los resultados del antibiograma, ya que *S. Derby* mostró un patrón destacado de resistencia, lo que confirma su capacidad para adquirir y diseminar genes asociados a resistencia antimicrobiana.

*Salmonella* Newport ha sido aislada en una amplia variedad de ambientes y hospederos. Por ejemplo, Saidenberg et al. (2021) la reportaron en aves silvestres, lo que evidencia su capacidad para circular en reservorios no domésticos. Asimismo, esta serovariedad ha sido identificada en alimentos de origen vegetal, lo que demuestra su versatilidad ecológica y su potencial para contaminar diferentes matrices alimentarias. En Estados Unidos, durante el año 2020, *S. Newport* fue responsable de un brote de importancia epidemiológica, en el cual se confirmaron al menos 1127 personas afectadas por la misma cepa (McCormic et al., 2022).

De igual forma, *S. Newport* ha sido aislada en múltiples especies animales destinadas al abasto. Cetin et al. (2020) reportaron prevalencias del 70% (7/10) en cerdos, 70% (27/29) en ganado bovino, 10% (3/10) en pollos, además de aislamientos en carne de caballo y en mataderos de ovinos, lo que demuestra su amplia distribución en sistemas pecuarios. En nuestro estudio, esta serovariedad fue detectada, lo cual constituye un punto crítico de potencial diseminación dentro y fuera del rastro.

En México también se han registrado eventos asociados a este serovar. El Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria reportó en 2024 un brote de 45 casos

humanos atribuidos a *Salmonella* serovar Newport; sin embargo, no fue posible identificar con certeza el alimento implicado. Este serotipo ha sido considerado de particular relevancia en salud pública debido a su capacidad para presentar fenotipos multirresistentes, característica que ha sido documentada en reportes recientes correspondientes a los años 2021 y 2022, como señalan Ford et al. (2023).

Estudios internacionales han reportado prevalencias de *Salmonella* enterica serovar Newport similares a las observadas en la presente investigación. En Uganda, se documentó una prevalencia de 7.5% (26/346) de este serovar, cifra comparable con la encontrada en este estudio, donde *S. Newport* representó el 5% (2/40) de los aislamientos obtenidos (Kivali et al., 2024). La concordancia entre ambos resultados sugiere que *S. Newport* mantiene una distribución relativamente constante a nivel internacional, aun cuando generalmente no constituye el serovar predominante, lo que refuerza su relevancia en estudios de vigilancia microbiológica y evaluación de riesgos en la cadena cárnica.

En un estudio realizado en pacientes infantiles en Taiwán, *Salmonella* Anatum fue identificada como el serotipo más comúnmente aislado, asociado al consumo de carne contaminada. Además, este serovar mostró una elevada presencia de multirresistencia a antimicrobianos, incluyendo cefalosporinas de tercera generación (Chang et al., 2020).

En el ámbito pecuario, *S. Anatum* ha sido frecuentemente reportada en líneas de sacrificio y procesamiento de canales porcinas. Hernández et al. (2013) la identificaron como uno de los catorce serovares presentes en plantas de beneficio porcícolas. De manera similar, Vo et al. (2010) la documentaron en Taiwán, mientras que, en otro estudio realizado en carcasas de cerdos, *S. Anatum* fue el serotipo con mayor prevalencia, alcanzando 71.8%, cifra notablemente superior a la reportada por Piras et al. (2014), quienes observaron una prevalencia del 12.5% (1/8).

En comparación, en nuestro estudio la prevalencia de *Salmonella* Anatum fue del 5% (2/40) dentro del total de aislamientos recuperados, lo que indica su presencia, aunque en una proporción menor respecto a otros serovares dominantes.

La amplia distribución de *S. Anatum* en animales destinados al abasto ha sido reportada en diversas regiones del mundo. Por ejemplo, en Uruguay fue aislada en terneros lecheros (Casaux et al., 2019), mientras que en Etiopía se detectó en aves de corral (Abayneh et al., 2023). En Egipto también fue identificada como uno de los serovares presentes en la producción avícola (Barbour et al., 2015).

La recurrencia de este serotipo en diferentes especies animales y matrices alimentarias refuerza la preocupación global sobre su creciente dispersión a lo largo de la cadena de producción de alimentos, así como el riesgo que representa su potencial multirresistencia.

En 2015 se registró un brote causado por *Salmonella* serovariedad Give en Colombia, el cual representó el tercer brote atribuido a este serotipo en ese país, asociado al consumo de alimentos enlatados (Flórez et al., 2021). En años recientes, este serovar también ha sido identificado en animales de abasto (Locke et al., 2022), lo que confirma su circulación dentro de los sistemas de producción pecuaria. Asimismo, fue detectado en canales de agua dulce, donde se evidenció una prevalencia con un marcado patrón estacional (Deaven et al., 2021).

De igual forma, *S. Give* ha sido reportada en granjas porcinas (Mandilara et al., 2024) y ha sido el agente etiológico de brotes asociados al consumo de alimentos en establecimientos de comida, como ocurrió en Malta, donde se notificaron 36 casos relacionados con este serotipo (Donachie et al., 2018). En otro estudio realizado en granjas porcinas, la prevalencia alcanzó un 15.7% (Fashae & Hendriksen, 2014), mientras que en plantas de sacrificio y procesamiento se ha demostrado su capacidad de contaminar superficies y ambientes operativos, con una prevalencia del 4.1% (Bonardi et al., 2013).

En nuestro estudio, *S. Give* se ubicó entre las serovariedades con menor prevalencia, representando 5% (2/40) del total de aislamientos obtenidos. Además, este serotipo ha sido aislado de animales, ambientes y personas en Nigeria, lo que permitió establecer una relación epidemiológica entre el entorno, el hospedero animal y el huésped humano (Akinyemi et al., 2023). Esta amplia dispersión refuerza la importancia de considerar a *S. Give* como un serovar emergente en la cadena alimentaria y un riesgo potencial para la salud pública.

Todas las serovariedades encontradas en el estudio son consideradas de importancia en salud pública por ser identificadas como la causa principal de diversos brotes en humanos, por todo el mundo por lo que su presencia en los rastros municipales representa un potencial riesgo y una llamada de alerta a sistemas que identifiquen la distribución de serotipos de importancia en salud pública a lo largo de la cadena de producción de alimentos en el estado.

La resistencia y multiresistencia antimicrobiana en *Salmonella* spp. ha sido ampliamente documentada. Thong (2010) reportó que el 54% de los aislamientos presentaron multiresistencia, e incluso algunos mostraron panresistencia, lo que evidencia la capacidad del género para adquirir y dispersar mecanismos de resistencia en múltiples familias de antimicrobianos. En México, esta problemática no es reciente: desde 1972, Olarte y Galindo (1973) ya habían informado casos de multiresistencia en aislamientos obtenidos en Pachuca de Soto, Hidalgo.

En años más recientes, *Salmonella* spp. multirresistente ha sido aislada en diversos estados del país. En Veracruz, se detectó en muestras de res y carne molida (Delgado-Suárez et al., 2021); en Chihuahua, fue encontrada en ganado lechero (Barrera et al., 2023); y en otras especies destinadas al consumo humano, como el pavo, también se ha documentado su presencia (Routh et al., 2015). La capacidad del patógeno para contaminar matrices no cárnicas también ha sido evidenciada: en León, Guanajuato, se aisló en lechugas (Castañeda-Ramírez et al., 2011) y en Querétaro en cacahuates (Aguilar-Vázquez et al., 2022).

En el estudio realizado por Khoo et al. (2023), el 91% de las cepas analizadas fueron resistentes a ampicilina, seguida de tetraciclinas con 86%, sulfametoxazol/trimetoprima con 62% y ciprofloxacino con 9%. Estos valores contrastan con los reportados por De Toro et al. (2014), quienes observaron resistencias menores, con 55% para ampicilina y 68% para sulfametoxazol-trimetoprima. De manera similar, Mendonça et al. (2019) documentaron que el antibiótico con mayor resistencia fue la sulfonamida, con 42.75%, seguida de las tetraciclinas con 37.6% y amoxicilina con 27%. En conjunto, diversos autores coinciden en que las resistencias más comunes en *Salmonella* spp. se presentan frente a sulfonamidas, fluoroquinolonas y tetraciclinas.

Estos hallazgos demuestran la amplia distribución de *Salmonella* spp. multirresistente en todo el territorio mexicano y regiones colindantes, así como la relevancia de su vigilancia

continua, dado su impacto sanitario y el riesgo que representa para la cadena alimentaria y la salud pública.

Diversos estudios han documentado la presencia de multirresistencia a los antimicrobianos en una amplia variedad de serovares pertenecientes a *Salmonella enterica* subespecie enterica, asociada a la identificación de numerosos genes de resistencia mediante técnicas moleculares como la PCR (Michael et al., 2006). En años recientes, se ha incrementado el interés por estudiar la prevalencia de genes de resistencia en aislados provenientes de la industria cárnica (Pungpian et al., 2021). En México, investigaciones realizadas por Varela-Guerrero et al. (2013) y Talavera Rojas et al. (2011) analizaron genes asociados a resistencia antimicrobiana en aislados de *Salmonella* obtenidos de animales de abasto. Debido a la cercanía geográfica y epidemiológica con nuestro estudio, se decidió continuar con la vigilancia de genes como *Pse1*, *STR*, *floR*, *sul1*, *tetG* y *parC*.

En este estudio se determinó la presencia de los genes *Pse1*, *FloR*, *STR*, *Sul1*, *TetG* y *Par C*. Los genes con mayor prevalencia fueron *Str* y *Sul1* (ambos con 82.5%), seguidos por *pse-1* (72.5%) y *par C* (50%), todos ellos son genes que codifican para expresar resistencia antibióticos, estos aislados demuestran la presencia de genes de importancia mundial en rastro municipales del centro del país

En este estudio se detectó el gen *Pse1* en 17.5% (7/40) de los aislados. Este gen ha sido reportado tanto en aislados provenientes de humanos como de animales, y confiere resistencia a betalactámicos. En concordancia, nuestros aislados presentaron resistencia del 100% (40/40) a ampicilina y 95% (35/40) a carbenicilina. En España, De Toro et al. (2014) detectaron *Pse1* en el 54% de sus aislados, lo cual coincidió con un 55% de resistencia a ampicilina. De manera similar, Varela-Guerrero et al. (2013) reportaron 70.37% de cepas resistentes a ampicilina en canales de res y 73.68% portadoras del gen. En Taiwán, el gen también fue identificado en aislados porcinos (Vo et al., 2010). En nuestro estudio, la prevalencia total de resistencia a betalactámicos (82.5%) superó los valores documentados por otros autores, como el 51.85% reportado por Varela-Guerrero et al. (2013).

La resistencia a florfenicol y cloranfenicol está asociada principalmente al gen *floR*, reportado en numerosos serovares como Agona, así como en *Escherichia coli* (Cloeckaert et al., 2000). Este gen codifica una bomba de eflujo y se ha encontrado ampliamente distribuido en cepas resistentes (Pławińska-Czarnak et al., 2022). Aunque en nuestro estudio la prevalencia fue baja (5%), es importante señalar que *floR* se detectó exclusivamente en el serovar *Salmonella* Newport. En otros trabajos, este gen ha sido identificado como uno de los principales determinantes de resistencia y su transmisión ocurre mayoritariamente por vía horizontal mediante plásmidos (Xiao et al., 2025). Se ha demostrado que hasta el 95.95% de los genes *floR* reportados previamente en animales presentan alta homología con los descritos por Cloeckaert et al. (2001).

En cuanto a la resistencia a sulfonamidas, esta se relaciona con la presencia de los genes *sul*, que codifican la enzima dihidropteroato sintasa en una forma no inhibible por el fármaco. Existen cuatro variantes principales: *sul1*, *sul2*, *sul3* y *sul4*, siendo *sul1* y *sul2* las más frecuentemente identificadas en *Escherichia* y *Salmonella* (Pavelquesi et al., 2021). Estos genes pueden transferirse entre bacterias mediante integrones, plásmidos y transposones. En Polonia, Mała et al. (2015) identificaron el gen *sul1* en 44% (37/84) de sus aislados, mientras

que Antunes et al. (2005) y Zishiri et al. (2016) documentaron prevalencias del 76% y 83%, respectivamente. En concordancia con estos hallazgos, nuestro estudio mostró una prevalencia elevada del gen *sulI*, con 82.5% (33/40) de los aislados portadores del determinante de resistencia.

La resistencia a tetraciclinas también estuvo presente en nuestros aislados, con un 41.7% de cepas resistentes, de las cuales el 20% portaban el gen *tetG*. Este gen fue superado solo por *tetA* en prevalencia global (Gargano et al., 2021). En una revisión realizada por Pavelquesi et al. (2021), *tetA* fue el gene más frecuente asociado a resistencia a tetraciclinas, seguido por *tetB* y *tetG*, este último con una presencia promedio del 8.4%, comparable con los resultados de nuestro estudio (12.5%), especialmente en los serovares Anatum, Give y Derby.

En relación con la resistencia a fluoroquinolonas, *Salmonella* presenta mecanismos asociados a mutaciones en el gen *parC*, el cual codifica subunidades de la topoisomerasa IV. Aunque pocos estudios han documentado la presencia de este gen (Qian et al., 2020), se ha demostrado que mutaciones en *parC* representan una amenaza emergente para el tratamiento clínico (Casin et al., 2003). Otros autores han señalado que, incluso en cepas resistentes a fluoroquinolonas, no siempre se detectan genes asociados, lo cual evidencia la complejidad de los mecanismos involucrados (Nathania et al., 2022). La mayoría de los genes de resistencia identificados en *Salmonella* spp. se transmiten principalmente por vía horizontal, especialmente mediante plásmidos (Małka et al., 2015; Xiao et al., 2025), lo que facilita su propagación en ambientes pecuarios, alimentarios y humanos.

## 8. Conclusiones

Este estudio permitió determinar y evidenciar la presencia de *Salmonella* spp en la cadena de obtención cárnica porcina en el centro de México esto representa un inminente riesgo a la salud de los consumidores, además evidencia la necesidad de reforzar los sistemas de vigilancia epidemiológica este esfuerzo deberá ser multisectorial y multifactorial teniendo que poner especial atención su capacidad de resistir antibióticos.

*Salmonella* cuenta con la posibilidad de adquirir, diseminar y expresar genes que codifican resistencia a antibióticos; se evaluó la posibilidad de forma fenotípicamente expresaban esta resistencia antibiótica y se concluyó que todas las bacterias aisladas del estudio expresaron fenotípicamente resistencia a antibióticos como tetraciclinas, penicilinas, cefalosporinas, aminoglucósidos, fenicoles, fluoroquinolonas, diaminopiridinas; Mas de la mitad de los aislados 57.5% fueron multirresistentes, 27.5% tuvieron resistencia extendida y 15% fueron resistentes, estas cifras solo agrava la preocupación al potencializar el riesgo que representa la bacterias dificultando los tratamientos convencionales. Además, en el estudio se determinó la presencia de los genes *Pse1*, *FloR*, *STR*, *Sull*, *TetG* y *Par C* genes que codifican para dicha resistencia, estos genes se considerar de importancia en salud pública a nivel mundial y encontrarlos presentes en el centro del país evidencia un potencial riesgo a la salud de los consumidores.

La sumatoria de todos los peligros identificados en productos cárnicos de consumo humano por *Salmonella* spp. compromete la seguridad alimentaria y representa un riesgo latente de brotes zoonóticos de difícil control, lo que se vuelve una necesidad de atender las áreas de oportunidad de la cadena de abasto e impulsar la investigación de cada eslabón que la comprende, además apoyar a construir sistemas de vigilancia epidemiológica y RAM con la finalidad de proponer estrategias multisectoriales que permitan disminuir el potencial riesgo.

## Anexo 1

### Cuestionarios análisis de riesgo en rastros municipales dedicados al faenado de cerdos

Clave de Rastro:

A

---

Nombre del entrevistador:

Tinoco

---

1. Cuál es la ubicación del rastro:
  - a) Urbano (3)
  - b) Suburbano (1)
  - c) Rural (1)
2. Qué tipo de acceso existe en el rastro:
  - a) Camino pavimentado (1)
  - b) Camino de terracería (3)
3. Las instalaciones del rastro están cercadas en la periferia
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
4. Cuenta con rampa de desembarco:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
5. Cuenta con corral de descanso:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
6. Solo es utilizada para una especie:
  - a) Si (1)
  - b) No (4)
7. Cuenta con corrales para animales en observación
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
8. Se cuentan con áreas delimitadas y separadas por barreras físicas:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
9. Realiza una inspección ante mortem:
  - a) Si (1)
  - b) No (5)
10. Quien realiza la inspección sanitaria:
  - a) Médico Veterinario y Personal capacitado (1)
  - b) Médico veterinario (2)
  - c) Personal capacitado (3)
  - d) No existe inspector sanitario (5)
11. Existe un baño de animales antes de ingresar a la sala de matanza:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)

12. Realizan Insensibilización
- c) Si (1)
  - a) No (3)
13. Método de sacrificio por corte carótidas:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
14. Se colecta la sangre:
- a) Si (1)
  - b) No (5)
15. Realiza faenado aéreo de la canal:
- a) Si (1)
  - b) No (5)
16. Se destina a algún proceso la sangre:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
17. Existe un recambio periódico en el agua de escaldado:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
18. Como se realiza un depilado:
- a) Mecánicamente (1)
  - b) Manualmente (3)
  - c) Mixto (5)
19. Existe esterilización de cuchillos y material entre canales:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
20. El personal cuenta con capacitación en el área:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
21. El personal tiene áreas de trabajo bien definidas:
- a) Si (1)
  - a) No (3)
22. El personal cuenta con tareas específicas:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
23. Todo el personal cuenta con toda la vestimenta de trabajo:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
24. En que se depositan las vísceras:
- a) Carretillas, carretones, carritos para vísceras, carritos de acero inoxidable, carros riñón, carros transportadores, charolas, equipo adecuado, equipos automáticos, canaleja y recibidor, canastillas, cuarto para vísceras y cuarto frío (1)
  - b) Botes de plástico, botes y perchas, cajas de plástico, cestas de plástico, cubetas, depósitos de plástico, dispositivos, recipientes plásticos, utensilios plásticos, contenedores (2)

- c) Lavaderos, bancos de concreto, mesas, pilas, piletas, plancha, tambos, tanques, tarimas, tarjas, tinas, tolvas, anaqueles, bidones, taras, bolsas, botes y jivas (3)
  - d) Ganchos o perchas (4)
  - e) Piso, suelo, basura o no hay depósitos (5)
25. Existe separación de vísceras verdes y rojas:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
26. Cuenta con salas separadas para el manejo de vísceras verdes y rojas:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
27. Se identifican las vísceras de cada canal:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
28. Tienen utensilios específicos para cada área:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
29. Se cuenta con incinerador:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
30. Cuenta con planta de rendimiento:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
- 31.Cuál es el destino viseras decomisadas:
- a) Se incineran (1)
  - b) Se deposita en basureros (3)
32. Se lava la canal después del depilado:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
33. El agua utilizada es potable:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
34. El agua procede de:
- a) Red pública (1)
  - b) Pozo (2)
  - c) Otro (3)
35. El agua se distribuye por medio de:
- a) Red continua (1)
  - b) Almacenada en las instalaciones (3)
  - c) Externa a las instalaciones (4)
36. Las aguas residuales se vierten en:
- a) Tanque tratamiento de agua (1)
  - b) Drenaje público (4)
  - c) Canales y arroyos (5)
37. Las aguas residuales cuentan con algún tratamiento:
- a) Si (1)

- b) No (3)
38. Existe identificación de canales:  
a) Si (1)  
b) No (3)
39. Existe cámara de refrigeración de canales:  
a) Si (1)  
b) No (3)
40. Existen cámara de refrigeración de viseras:  
a) Si (1)  
b) No (3)
41. Cuenta con registros de entrada y salida de los animales:  
a) Si (1)  
b) No (3)
42. Realiza una limpieza y desinfección de las áreas al final de la jornada:  
a) Si (1)  
b) No (3)

Puntaje Final: \_\_\_\_\_100\_\_\_\_\_

Nivel de riesgo obtenido: \_\_\_\_\_Riesgo alto\_\_\_\_\_

Clave de Rastro:

B

---

Nombre del entrevistador:

Tinoco

---

1. Cuál es la ubicación del rastro:
  - d) Urbano (3)
  - e) Suburbano (1)
  - f) Rural (1)
2. Qué tipo de acceso existe en el rastro:
  - a. Camino pavimentado (1)
  - b. Camino de terracería (3)
3. Las instalaciones del rastro están cercadas en la periferia
  - a. Si (1)
  - b. No (3)
4. Cuenta con rampa de desembarco:
  - a. Si (1)
  - b. No (3)
5. Cuenta con corral de descanso:
  - a. Si (1)
  - b. No (3)
6. Solo es utilizada para una especie:
  - a. Si (1)
  - b. No (4)
7. Cuenta con corrales para animales en observación
  - a. Si (1)
  - b. No (3)
8. Se cuentan con áreas delimitadas y separadas por barreras físicas:
  - a. Si (1)
  - b. No (3)
9. Realiza una inspección ante mortem:
  - a. Si (1)
  - b. No (5)
10. Quien realiza la inspección sanitaria:
  - a. Médico Veterinario y Personal capacitado (1)
  - b. Médico veterinario (2)
  - c. Personal capacitado (3)
  - d. No existe inspector sanitario (5)
11. Existe un baño de animales antes de ingresar a la sala de matanza:
  - a. Si (1)
  - b. No (3)
12. Realizan Insensibilización
  - a. Si (1)
  - b. No (3)
13. Método de sacrificio por corte carótidas:

- a. Si (1)
  - b. No (3)
14. Se colecta la sangre:
- a. Si (1)
  - b. No (5)
15. Realiza faenado aéreo de la canal:
- a. Si (1)
  - b. No (5)
16. Se destina a algún proceso la sangre:
- a. Si (1)
  - b. No (3)
17. Existe un recambio periódico en el agua de escaldado:
- a. Si (1)
  - b. No (3)
18. Como se realiza un depilado:
- a. Mecánicamente (1)
  - b. Manualmente (3)
  - c. Mixto (5)
19. Existe esterilización de cuchillos y material entre canales:
- a. Si (1)
  - b. No (3)
20. El personal cuenta con capacitación en el área:
- a. Si (1)
  - b. No (3)
21. El personal tiene áreas de trabajo bien definidas:
- a. Si (1)
  - b. No (3)
22. El personal cuenta con tareas específicas:
- a. Si (1)
  - b. No (3)
23. Todo el personal cuenta con toda la vestimenta de trabajo:
- a. Si (1)
  - b. No (3)
24. En que se depositan las vísceras:
- a. Carretillas, carretones, carritos para vísceras, carritos de acero inoxidable, carros riñón, carros transportadores, charolas, equipo adecuado, equipos automáticos, canaleja y recibidor, canastillas, cuarto para vísceras y cuarto frío (1)
  - b. Botes de plástico, botes y perchas, cajas de plástico, cestas de plástico, cubetas, depósitos de plástico, dispositivos, recipientes plásticos, utensilios plásticos, contenedores (2)
  - c. Lavaderos, bancos de concreto, mesas, pilas, piletas, plancha, tambos, tanques, tarimas, tarjas, tinas, tolvas, anaqueles, bidones, taras, bolsas, botes y jivas (3)
  - d. Ganchos o perchas (4)
  - e. Piso, suelo, basura o no hay depósitos (5)

25. Existe separación de vísceras verdes y rojas:
- Si (1)
  - No (3)
26. Cuenta con salas separadas para el manejo de vísceras verdes y rojas:
- Si (1)
  - No (3)
27. Se identifican las vísceras de cada canal:
- Si (1)
  - No (3)
28. Tienen utensilios específicos para cada área:
- Si (1)
  - No (3)
29. Se cuenta con incinerador:
- Si (1)
  - No (3)
30. Cuenta con planta de rendimiento:
- Si (1)
  - No (3)
31. Cuál es el destino vísceras decomisadas:
- Se incineran (1)
  - Se deposita en basureros (3)
32. Se lava la canal al terminar el proceso:
- Si (1)
  - No (3)
33. El agua utilizada es potable:
- Si (1)
  - No (3)
34. El agua procede de:
- Red pública (1)
  - Pozo (2)
  - Otro (3)
35. El agua se distribuye por medio de:
- Red continua (1)
  - Almacenada en las instalaciones (3)
  - Externa a las instalaciones (4)
36. Las aguas residuales se vierten en:
- Tanque tratamiento de agua (1)
  - Drenaje público (4)
  - Canales y arroyos (5)
37. Las aguas residuales cuentan con algún tratamiento:
- Si (1)
  - No (3)
38. Existe identificación de canales:
- Si (1)
  - No (3)
39. Existe cámara de refrigeración de canales:

- a. Si (1)
- b. No (3)

40. Existen cámara de refrigeración de viseras:

- a. Si (1)
- b. No (3)

41. Cuenta con registros de entrada y salida de los animales:

- a. Si (1)
- b. No (3)

42. Realiza una limpieza y desinfección de las áreas al final de la jornada:

- a. Si (1)
- b. No (3)

Puntaje Final: \_\_\_\_\_ 77 \_\_\_\_\_

Nivel de riesgo obtenido: Medio \_\_\_\_\_

Clave de Rastro:

D

---

Nombre del entrevistador:

Tinoco

---

1. Cuál es la ubicación del rastro:
  - a) Urbano (3)
  - b) Suburbano (1)
  - c) Rural (1)
2. Qué tipo de acceso existe en el rastro:
  - a) Camino pavimentado (1)
  - b) Camino de terracería (3)
3. Las instalaciones del rastro están cercadas en la periferia
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
4. Cuenta con rampa de desembarco:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
5. Cuenta con corral de descanso:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
6. Solo es utilizada para una especie:
  - a) Si (1)
  - b) No (4)
7. Cuenta con corrales para animales en observación
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
8. Se cuentan con áreas delimitadas y separadas por barreras físicas:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
9. Realiza una inspección ante mortem:
  - a) Si (1)
  - b) No (5)
10. Quien realiza la inspección sanitaria:
  - a) Médico Veterinario y Personal capacitado (1)
  - b) Médico veterinario (2)
  - c) Personal capacitado (3)
  - d) No existe inspector sanitario (5)
11. Existe un baño de animales antes de ingresar a la sala de matanza:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
12. Realizan Insensibilización
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
13. Método de sacrificio por corte carótidas:
  - a) Si (1)

- b) No (3)
14. Se colecta la sangre:
- a) Si (1)
- b) No (5)
15. Realiza faenado aéreo de la canal:
- a) Si (1)
- b) No (5)
16. Se destina a algún proceso la sangre:
- a) Si (1)
- b) No (3)
17. Existe un recambio periódico en el agua de escaldado:
- a) Si (1)
- b) No (3)
18. Como se realiza un depilado:
- a) Mecánicamente (1)
- b) Manualmente (3)
- c) Mixto (5)
19. Existe esterilización de cuchillos y material entre canales:
- a) Si (1)
- b) No (3)
20. El personal cuenta con capacitación en el área:
- a) Si (1)
- b) No (3)
21. El personal tiene áreas de trabajo bien definidas:
- a) Si (1)
- b) No (3)
22. El personal cuenta con tareas específicas:
- a) Si (1)
- b) No (3)
23. Todo el personal cuenta con toda la vestimenta de trabajo:
- a) Si (1)
- b) No (3)
24. En que se depositan las vísceras:
- a) Carretillas, carretones, carritos para vísceras, carritos de acero inoxidable, carros riñón, carros transportadores, charolas, equipo adecuado, equipos automáticos, canaleja y recibidor, canastillas, cuarto para vísceras y cuarto frío (1)
- b) Botes de plástico, botes y perchas, cajas de plástico, cestas de plástico, cubetas, depósitos de plástico, dispositivos, recipientes plásticos, utensilios plásticos, contenedores (2)
- c) Lavaderos, bancos de concreto, mesas, pilas, piletas, plancha, tambos, tanques, tarimas, tarjas, tinas, tolvas, anaqueles, bidones, taras, bolsas, botes y jivas (3)
- d) Ganchos o perchas (4)
- e) Piso, suelo, basura o no hay depósitos (5)
25. Existe separación de vísceras verdes y rojas:
- a) Si (1)

- b) No (3)
- 26. Cuenta con salas separadas para el manejo de vísceras verdes y rojas:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 27. Se identifican las vísceras de cada canal:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 28. Tienen utensilios específicos para cada área:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 29. Se cuenta con incinerador:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 30. Cuenta con planta de rendimiento:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 31. Cuál es el destino vísceras decomisadas:
  - a) Se incineran (1)
  - b) Se deposita en basureros (3)
- 32. Se lava la canal al terminar el proceso:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 33. El agua utilizada es potable:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 34. El agua procede de:
  - a) Red pública (1)
  - b) Pozo (2)
  - c) Otro (3)
- 35. El agua se distribuye por medio de:
  - a) Red continua (1)
  - b) Almacenada en las instalaciones (3)
  - c) Externa a las instalaciones (4)
- 36. Las aguas residuales se vierten en:
  - a) Tanque tratamiento de agua (1)
  - b) Drenaje público (4)
  - c) Canales y arroyos (5)
- 37. Las aguas residuales cuentan con algún tratamiento:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 38. Existe identificación de canales:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 39. Existe cámara de refrigeración de canales:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
- 40. Existen cámara de refrigeración de viseras:

- a) Si (1)
- b) No (3)

41. Cuenta con registros de entrada y salida de los animales:

- a) Si (1)
- b) No (3)

42. Realiza una limpieza y desinfección de las áreas al final de la jornada:

- a) Si (1)
- b) No (3)

Puntaje Final: \_\_\_\_\_109\_\_\_\_\_

Nivel de riesgo obtenido: \_\_\_\_\_Riesgo Alto\_\_\_\_\_

Clave de Rastro:

E

---

Nombre del entrevistador:

Tinoco

---

1. Cuál es la ubicación del rastro:
  - a) Urbano (3)
  - b) Suburbano (1)
  - c) Rural (1)
2. Qué tipo de acceso existe en el rastro:
  - a) Camino pavimentado (1)
  - b) Camino de terracería (3)
3. Las instalaciones del rastro están cercadas en la periferia
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
4. Cuenta con rampa de desembarco:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
5. Cuenta con corral de descanso:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
6. Solo es utilizada para una especie:
  - a) Si (1)
  - b) No (4)
7. Cuenta con corrales para animales en observación
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
8. Se cuentan con áreas delimitadas y separadas por barreras físicas:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
9. Realiza una inspección ante mortem:
  - a) Si (1)
  - b) No (5)
10. Quien realiza la inspección sanitaria:
  - a) Médico Veterinario y Personal capacitado (1)
  - b) Médico veterinario (2)
  - c) Personal capacitado (3)
  - d) No existe inspector sanitario (5)
11. Existe un baño de animales antes de ingresar a la sala de matanza:
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
12. Realizan Insensibilización
  - a) Si (1)
  - b) No (3)
13. Método de sacrificio por corte carótidas:

- a) Si (1)
  - b) No (3)
14. Se colecta la sangre:
- a) Si (1)
  - b) No (5)
15. Realiza faenado aéreo de la canal:
- a) Si (1)
  - b) No (5)
16. Se destina a algún proceso la sangre:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
17. Existe un recambio periódico en el agua de escaldado:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
18. Como se realiza un depilado:
- a) Mecánicamente (1)
  - b) Manualmente (3)
  - c) Mixto (5)
19. Existe esterilización de cuchillos y material entre canales:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
20. El personal cuenta con capacitación en el área:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
21. El personal tiene áreas de trabajo bien definidas:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
22. El personal cuenta con tareas específicas:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
23. Todo el personal cuenta con toda la vestimenta de trabajo:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
24. En que se depositan las vísceras:
- a) Carretillas, carretones, carritos para vísceras, carritos de acero inoxidable, carros riñón, carros transportadores, charolas, equipo adecuado, equipos automáticos, canaleja y recibidor, canastillas, cuarto para vísceras y cuarto frío (1)
  - b) Botes de plástico, botes y perchas, cajas de plástico, cestas de plástico, cubetas, depósitos de plástico, dispositivos, recipientes plásticos, utensilios plásticos, contenedores (2)
  - c) Lavaderos, bancos de concreto, mesas, pilas, piletas, plancha, tambos, tanques, tarimas, tarjas, tinas, tolvas, anaqueles, bidones, taras, bolsas, botes y jivas (3)
  - d) Ganchos o perchas (4)
  - e) Piso, suelo, basura o no hay depósitos (5)

25. Existe separación de vísceras verdes y rojas:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
26. Cuenta con salas separadas para el manejo de viseras verdes y rojas:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
27. Se identifican las vísceras de cada canal:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
28. Tienen utensilios específicos para cada área:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
29. Se cuenta con incinerador:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
30. Cuenta con planta de rendimiento:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
31. Cuál es el destino viseras decomisadas:
- a) Se incineran (1)
  - b) Se deposita en basureros (3)
32. Se lava la canal al terminar el proceso:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
33. El agua utilizada es potable:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
34. El agua procede de:
- a) Red pública (1)
  - b) Pozo (2)
  - c) Otro (3)
35. El agua se distribuye por medio de:
- a) Red continua (1)
  - b) Almacenada en las instalaciones (3)
  - c) Externa a las instalaciones (4)
36. Las aguas residuales se vierten en:
- a) Tanque tratamiento de agua (1)
  - b) Drenaje público (4)
  - c) Canales y arroyos (5)
37. Las aguas residuales cuentan con algún tratamiento:
- a. Si (1)
  - a) No (3)
38. Existe identificación de canales:
- a) Si (1)
  - b) No (3)
39. Existe cámara de refrigeración de canales:

- a) Si (1)
- b) No (3)

40. Existen cámara de refrigeración de viseras:

- a) Si (1)
- b) No (3)

41. Cuenta con registros de entrada y salida de los animales:

- a) Si (1)

b) No (3)

42. Realiza una limpieza y desinfección de las áreas al final de la jornada:

- a) Si (1)
- b) No (3)

Puntaje Final: \_\_\_\_\_97\_\_\_\_\_

Nivel de riesgo obtenido: \_\_\_\_\_Riesgo alto\_\_\_\_\_

## Anexo 2

Peril Bioquímico	TSI			CITRATO	LIA			Klíger				Urea	SIM		Fenilalanina	Malonato	Lisina	Arginina	Ornitina	pepe de Meito	Vogres Probaaur
	Lactosa	SH2	Produccion de gas		Descarboxilacion de lisina	SH2	Produccion de gas	Glucosa	Lactosa	SH2	Produccion de gas		Indol	SH2							
% Similitud	100	100	60	100	100	100	97.5	100	100	100	100	100	100	100	100	100	82.5	100	100	100	
Perfil	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(+)	(+)	(+)	(-)

ID Final	TSI			CITRATO	RM	VP	LIA			INDOL	Klíger				Urea	SIM		enillananin	Malonato	Lisina	Control	Arginina	Ornitina	RM	VP
	Lactosa Neg	SH2	Produccion de gas				oxilacion d	SH2	Gas		Glucosa	Lactosa	SH2	Gas		Indol	SH2								
1	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
2	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
3	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(+)	(-)
4	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(+)	(-)
5	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(+)	(-)
6	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(+)	(-)
7	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
8	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(+)	(-)
9	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
10	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
11	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
12	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
13	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
14	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
15	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
16	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
17	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
18	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
19	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
20	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
21	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
22	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
23	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
24	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
25	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(+)	(-)
26	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(+)	(-)
27	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
28	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
29	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
30	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
31	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
32	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
33	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
34	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
35	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
36	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
37	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
38	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
39	(+)	SH2	(-)	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)
40	(+)	SH2	G	(+)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(-)	(+)	(-)	(+)	(+)	(+)	(-)

## 10. Referencias

1. Abayneh, E., Goba, H., & Shurbe, M. (2023). Salmonellosis prevalence and risk factors in chicken breeding farms in and around Arba Minch town, Gamo Zone, Ethiopia. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 17(02), 226–235. <https://doi.org/10.3855/jidc.17553>.
2. Afridi, M. I., Shinwari, K. I., Younas, M., Qureshi, M. Z., Shah, A. U., Hussain, H., Azam, N., Zaib, M., Zubair, I., & Azam, Z. (2016). Assessment of modus operandi for phenotypic and genotypic recognition of *Salmonella* species. *European Academic Research*, 4(8), 6318–6332.
3. Aguilar-Vázquez, J. C., Godínez-Oviedo, A., Lucero-Mejía, J. E., D'Souza, D. H., Palacios-Marmolejo, A., & Hernández-Iturriaga, M. (2022). Microbiological Profile, Prevalence, and Characterization of *Salmonella* enterica in Peanuts, Pecans, Raisins, Sun-Dried Tomatoes, and Chocolate Sprinkles Sold in Bulk in Markets in Querétaro, Mexico. *Journal of Food Protection*, 85(9), 1265–1272. <https://doi.org/10.4315/JFP-21-432>.
4. Akinyemi, K. O., Fakorede, C. O., Linde, J., Methner, U., Wareth, G., Tomaso, H., & Neubauer, H. (2023). Whole genome sequencing of *Salmonella* enterica serovars isolated from humans, animals, and the environment in Lagos, Nigeria. *BMC Microbiology*, 23(1), 164. <https://doi.org/10.1186/s12866-023-02901-1>
5. Aleksandrowicz, A., Carolak, E., Dutkiewicz, A., Błachut, A., Waszczuk, W., & Grzymajlo, K. (2023). Better together– *Salmonella* biofilm-associated antibiotic resistance. *Gut Microbes*, 15(1). <https://doi.org/10.1080/19490976.2023.2229937>.
6. Alikhan, N. F., Zhou, Z., Sergeant, M. J., & Achtman, M. (2018). A genomic overview of the population structure of *Salmonella*. *PLoS genetics*, 14(4), e1007261. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1007261>.
7. Alós, J. I. (2015). Resistencia bacteriana a los antibióticos: Una crisis global. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 33(10), 692–699. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2014.10.004>.
8. Alsudani, A., y Lateef Al-Awsi, G. R. (2022). Role of the Housefly as a Biological Vector for Bacteria and Fungi at Some Slaughterhouses. *Pakistan journal of biological sciences : PJBS*, 25(4), 353–357. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2022.353.357>.
9. Ambrogi, A., Busso, J., Carranza, A., & Cola, G. Di. (2020). Colección Académico-Científica Enfermedades y patologías de los porcinos (UniRio, Vol. 1). 2022.

9. Andrews, J. R., & Ryan, E. T. (2015). Diagnostics for invasive *Salmonella* infections: Current challenges and future directions. *Vaccine*, 33, C8–C15. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2015.02.0>.
10. Andrews, W. H., Wang, H., Jacobson, A., & Hammack, T. (2020). Bacteriological Analytical Manual (BAM), Chapter 5: *Salmonella*. U.S. Food and Drug Administration.
11. Antunes, P., Machado, J., Sousa, J. C., & Peixe, L. (2005). Dissemination of Sulfonamide Resistance Genes (*sul1*, *sul2*, and *sul3*) in Portuguese *Salmonella enterica* Strains and Relation with Integrons. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 49(2), 836–839. <https://doi.org/10.1128/AAC.49.2.836-839.2005>.
12. Arcos - Ávila, E. C., Mora - Cardona, L., Fandiño – de Rubio, L. C., & Rondón - Barragán, I. S. (2013). Prevalencia de *Salmonella* spp. en carne porcina, plantas de beneficio y expendios del Tolima. *Orinoquia*, 17(1), 59-68.
13. Arguello, H., Álvarez-Ordoñez, A., Carvajal, A., Rubio, P., & Prieto, M. (2013). Role of Slaughtering in *Salmonella* Spreading and Control in Pork Production. *Journal of Food Protection*, 76(5), 899–911. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-12-404>.
14. Arguello, H., Carvajal, A., Collazos, J. A., García-Feliz, C., & Rubio, P. (2012). Prevalence and serovars of *Salmonella enterica* on pig carcasses, slaughtered pigs and the environment of four Spanish slaughterhouses. *Food Research International*, 45(2), 905-912.
15. Barbour, E. K., Ayyash, D. B., Alturkistni, W., Alyahiby, A., Yaghmoor, S., Iyer, A., Yousef, J., Kumosani, T., & Harakeh, S. (2015). Impact of sporadic reporting of poultry *Salmonella* serovars from selected developing countries. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 9(01), 001–007. <https://doi.org/10.3855/jidc.5065>.
16. Barrera, S., Vázquez-Flores, S., Needle, D., Rodríguez-Medina, N., Iglesias, D., Sevigny, J. L., Gordon, L. M., Simpson, S., Thomas, W. K., Rodulfo, H., & De Donato, M. (2023). Serovars, Virulence and Antimicrobial Resistance Genes of Non-Typhoidal *Salmonella* Strains from Dairy Systems in Mexico. *Antibiotics*, 12(12), 1662. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12121662>.
17. Barreto, M., Castillo-Ruiz, M., & Retamal, P. (2016). *Salmonella enterica*: una revisión de la trilogía agente, hospedero y ambiente, y su trascendencia en Chile. *Revista Chilena de Infectología*, 33(5), 547–557. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182016000500010>.
18. Berends, B. R., Van Knapen, F., Mossel, D. A., Burt, S. A., & Snijders, J. M. (1998). Impact on human health of *Salmonella* spp. on pork in The Netherlands and the anticipated effects of

- some currently proposed control strategies. *International journal of food microbiology*, 44(3), 219–229. [https://doi.org/10.1016/s0168-1605\(98\)00121-4](https://doi.org/10.1016/s0168-1605(98)00121-4).
19. Bonardi, S., Bassi, L., Brindani, F., D’Incau, M., Barco, L., Carra, E., & Pongolini, S. (2013). Prevalence, characterization and antimicrobial susceptibility of *Salmonella enterica* and *Yersinia enterocolitica* in pigs at slaughter in Italy. *International Journal of Food Microbiology*, 163(2–3), 248–257. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2013.02.012>.
  20. Bonilla-Caballero, M. A., Lozano-Puentes, M. P., Ospina, M. A., & Varón-López, M. (2022). First report of multidrug-resistant *Salmonella* Infantis in broiler litter in Tolima, Colombia. *Veterinary World*, 1557–1565. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2022.1557-1565>.
  21. Botteldoorn, N., Heyndrickx, M., Rijpens, N., Grijspeerdt, K., & Herman, L. (2003). *Salmonella* on pig carcasses: positive pigs and cross contamination in the slaughterhouse. *Journal of Applied Microbiology*, 95(5), 891–903. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2672.2003.02042.x>.
  22. Botteldoorn, N., Heyndrickx, M., Rijpens, N., Grijspeerdt, K., & Herman, L. (2003). *Salmonella* on pig carcasses: positive pigs and cross contamination in the slaughterhouse. *Journal of applied microbiology*, 95(5), 891-903.
  23. Brenner, F. W., Villar, R. G., Angulo, F. J., Tauxe, R., & Swaminathan, B. (2000). *Salmonella* Nomenclature. *Journal of Clinical Microbiology*, 38(7), 2465–2467. <https://doi.org/10.1128/JCM.38.7.2465-2467.2000>.
  24. Butaye, P., Halliday-Simmonds, I., & Van Sauers, A. (2021). *Salmonella* in Pig Farms and on Pig Meat in Suriname. *Antibiotics*, 10(12), 1495. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10121495>.
  25. Calderaro, A., & Chezzi, C. (2024). MALDI-TOF MS: A Reliable Tool in the Real Life of the Clinical Microbiology Laboratory. *Microorganisms*, 12(2), 322. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12020322>.
  26. Camacho-Silvas, L. A., Portillo-Gallo, J. H., Rivera-Cisneros, A. E., Sánchez-González, J. M., Franco-Cendejas, R., Duque-Rodríguez, J., Velo-Méndez, G., & Ishida-Gutiérrez, C. (2021). Multirresistencia, resistencia extendida y panresistencia a antibacterianos en el norte de México. *Cirugía y Cirujanos*, 89(4). <https://doi.org/10.24875/CIRU.20000304>.
  27. Carattoli, A. (2009). Resistance plasmid families in *Enterobacteriaceae*. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 53(6), 2227–2238. <https://doi.org/10.1128/AAC.01707-08>.
  28. Carmosino, I., Bonardi, S., Rega, M., Luppi, A., Lamperti, L., Ossiprandi, M. C., & Bacci, C. (2022). Evolution of  $\beta$ -lactams, fluroquinolones and colistin resistance and genetic profiles in

- Salmonella*; isolates from pork in northern Italy. Italian Journal of Food Safety, 11(2). <https://doi.org/10.4081/ijfs.2022.9972>.
29. Carrascal Camacho, A. K., Weiss, L., & Carrascal, J. (2018). Manual para la toma de muestras de *Salmonella* spp. y *Escherichia coli* biotipo I en canales porcinas. Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA. <https://repository.agrosavia.co/server/api/core/bitstreams/3a59257e-2461-48a3-a034-8656d46e07f0/content>.
30. Casaux, M. L., Caffarena, R. D., Schild, C. O., Giannitti, F., Riet-Correa, F., & Fraga, M. (2019). Antibiotic resistance in *Salmonella* enterica isolated from dairy calves in Uruguay. Brazilian Journal of Microbiology, 50(4), 1139–1144. <https://doi.org/10.1007/s42770-019-00151-w>.
31. Casin, I., Breuil, J., Darchis, J. P., Guelpa, C., & Collatz, E. (2003). Fluoroquinolone Resistance Linked to *GyrA*, *GyrB*, and *ParC* Mutations in *Salmonella* enterica Typhimurium Isolates in Humans. Emerging Infectious Diseases, 9(11), 1482–1483. <https://doi.org/10.3201/eid0911.030317>.
32. Castañeda-Ramírez, C., Cortes-Rodríguez, V., De La Fuente-Salcido, N., Bideshi, D. K., Del Rincon-Castro, M. C., & Barboza-Corona, J. E. (2011). Isolation of *Salmonella* spp. from Lettuce and Evaluation of Its Susceptibility to Novel Bacteriocins of *Bacillus thuringiensis* and Antibiotics. Journal of Food Protection, 74(2), 274–278. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-10-324>.
33. Cetin, E., Temelli, S., & Eyigor, A. (2020). Nontyphoid *Salmonella* Prevalence, Serovar Distribution and Antimicrobial Resistance in Slaughter Sheep. Food Science of Animal Resources, 40(1), 21–33. <https://doi.org/10.5851/kosfa.2019.e75>.
34. Chacón, L., Barrantes, K., García, C., y Rosario, A. (2010). Estandarización de una PCR para la detección del gen *invA* de *Salmonella* spp. en lechuga. Revista de la Sociedad Venezolana de Microbiología, 30(1), 18-23. Recuperado en 21 de noviembre de 2025, de [http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1315-25562010000100005&lng=es&tlng=es](http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1315-25562010000100005&lng=es&tlng=es).
35. Chang, Y.-J., Chen, M.-C., Feng, Y., Su, L.-H., Li, H.-C., Yang, H.-P., Yu, M.-J., Chen, C.-L., & Chiu, C.-H. (2020). Highly antimicrobial-resistant Nontyphoidal *Salmonella* from retail meats and clinical impact in children, Taiwan. Pediatrics & Neonatology, 61(4), 432–438. <https://doi.org/10.1016/j.pedneo.2020.03.017>.

36. Chiou, C. S., Hong, Y. P., Liao, Y. S., Wang, Y. W., Tu, Y. H., Chen, B. H., & Chen, Y. S. (2019). New Multidrug-Resistant *Salmonella enterica* Serovar Anatum Clone, Taiwan, 2015–2017. *Emerging Infectious Diseases*, 25(1), 144–147. <https://doi.org/10.3201/eid2501.181103>.
37. Chiu, C. H., Su, L. H., Chu, C.-H., Wang, M. H., Yeh, C. M., Weill, F. X., & Chu, C. (2006). Detection of Multidrug-Resistant *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium Phage Types DT102, DT104, and U302 by Multiplex PCR. *Journal of Clinical Microbiology*, 44(7), 2354–2358. <https://doi.org/10.1128/JCM.00171-06>.
38. Cloeckaert, A., Baucheron, S., & Chaslus-Dancla, E. (2001). Nonenzymatic Chloramphenicol Resistance Mediated by IncC Plasmid R55 Is Encoded by a *floR* Gene Variant. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 45(8), 2381–2382. <https://doi.org/10.1128/AAC.45.8.2381-2382.2001>.
39. Cloeckaert, A., Sidi Boumedine, K., Flaujac, G., Imberechts, H., D’Hooghe, I., & Chaslus-Dancla, E. (2000). Occurrence of a *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium DT104-Like Antibiotic Resistance Gene Cluster Including the *floR* Gene in *S. enterica* Serovar Agona. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 44(5), 1359–1361. <https://doi.org/10.1128/AAC.44.5.1359-1361.2000>.
40. Coburn, B., Grassl, G. A., & Finlay, B. B. (2007). *Salmonella*, the host and disease: a brief review. *Immunology and cell biology*, 85(2), 112–118. <https://doi.org/10.1038/sj.icb.7100007>
41. Codex Alimentarius Commission. (2005). Código de prácticas de higiene para la carne (CAC/RCP 58-2005). FAO/WHO. <https://www.fao.org/3/y5454s/y5454s.pdf>.
42. Consejo Mexicano de la Carne (COMECARNE). (2023). Compendio estadístico 2023: Industria de la carne en México. Consejo Mexicano de la Carne. <https://comecarne.org/compendio-estadistico-2023/>.
43. Contreras-Soto, M. B., Medrano-Félix, J. A., Ibarra-Rodríguez, J. R., Martínez-Urtaza, J., Chaidez, Q. C., & Castro-del Campo, N.. (2019). The last 50 years of *Salmonella* in Mexico: Sources of isolation and factors that influence its prevalence and diversity. *Revista bio ciencias*. <https://doi.org/10.15741/revbio.06.nesp.e540>.
44. Cook, E. A., de Glanville, W. A., Thomas, L. F., Kariuki, S., Bronsvort, B. M., & Fèvre, E. M. (2017). Working conditions and public health risks in slaughterhouses in western Kenya. *BMC public health*, 17(1), 14. <https://doi.org/10.1186/s12889-016-3923-y>.
45. Croxatto, A., Prod’hom, G., & Greub, G. (2012). Applications of MALDI-TOF mass spectrometry in clinical diagnostic microbiology. *FEMS Microbiology Reviews*, 36(2), 380–407. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6976.2011.00298.x>.

46. De Busser, E. V., De Zutter, L., Dewulf, J., Houf, K., & Maes, D. (2013). *Salmonella* control in live pigs and at slaughter. *The Veterinary Journal*, 196(1), 20–27. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2013.01.002>.
47. De Busser, E. V., Maes, D., Houf, K., Dewulf, J., Imberechts, H., Bertrand, S., & De Zutter, L. (2011). Detection and characterization of *Salmonella* in lairage, on pig carcasses and intestines in five slaughterhouses. *International Journal of Food Microbiology*, 145(1), 279–286. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2011.01.009>.
48. De la Garza-García, J. A., Rubio Lozano, M. S., Wachter-Rodarte, M. D. C., Navarro Ocaña, A., Hernández-Castro, R., Xicohtencatl-Cortes, J., & Delgado Suárez, E. J. (2020). Frecuencia de contaminación y de serotipos de *Salmonella* enterica y *Escherichia coli* en una operación integrada de matanza y deshuese de bovinos. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 11(4), 971–990. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i4.5111>.
49. De la Torre, E., Tello, M., Mateu, E. M., & Torre, E. (2005). Use of biochemical kinetic data to determine strain relatedness among *Salmonella* enterica subsp. enterica isolates. *Journal of Clinical Microbiology*, 43(11), 5419–5424. <https://doi.org/10.1128/JCM.43.11.5419-5424.2005>.
50. de Quadros, C. L., Manto, L., Mistura, E., Webber, B., Ritterbusch, G. A., Borges, K. A., Furian, T. Q., Rodrigues, L. B., & dos Santos, L. R. (2020). Antimicrobial and Disinfectant Susceptibility of *Salmonella* Serotypes Isolated from Swine Slaughterhouses. *Current Microbiology*, 77(6), 1035–1042. <https://doi.org/10.1007/s00284-020-01904-9>.
51. de Toro, M., Seral, C., Rojo-Bezares, B., Torres, C., Castillo, F. J., & Sáenz, Y. (2014). Resistencia a antibióticos y factores de virulencia en aislados clínicos de *Salmonella* enterica. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 32(1), 4–10. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2013.03.006>.
52. Deaven, A. M., Ferreira, C. M., Reed, E. A., Chen See, J. R., Lee, N. A., Almaraz, E., Rios, P. C., Marogi, J. G., Lamendella, R., Zheng, J., Bell, R. L., & Shariat, N. W. (2021). *Salmonella* Genomics and Population Analyses Reveal High Inter- and Intraserovar Diversity in Freshwater. *Applied and Environmental Microbiology*, 87(6). <https://doi.org/10.1128/AEM.02594-20>.
53. Delgado-Suárez, E. J., Palós-Guitérrez, T., Ruíz-López, F. A., Hernández Pérez, C. F., Ballesteros-Nova, N. E., Soberanis-Ramos, O., Méndez-Medina, R. D., Allard, M. W., & Rubio-Lozano, M. S. (2021). Genomic surveillance of antimicrobial resistance shows cattle and

- poultry are a moderate source of multi-drug resistant non-typhoidal *Salmonella* in Mexico. PLOS ONE, 16(5), e0243681. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243681>.
54. Di Ciccio, P., Ossiprandi, M. C., Zanardi, E., Ghidini, S., Belluzzi, G., Vergara, A., & Ianieri, A. (2016). Microbiological contamination in three large-scale pig slaughterhouses in Northern Italy. *Italian Journal of Food Safety*, 5(4). <https://doi.org/10.4081/ijfs.2016.6151>.
  55. Dirección General de Epidemiología. (2022). Manual de procedimientos estandarizados para la vigilancia epidemiológica de la enfermedad diarreica aguda (EDA). Secretaría de Salud, Gobierno de México. [https://epidemiologia.salud.gob.mx/gobmx/salud/documentos/manuales/44\\_Manual\\_EDA\\_2022.pdf](https://epidemiologia.salud.gob.mx/gobmx/salud/documentos/manuales/44_Manual_EDA_2022.pdf).
  56. Donachie, A., Melillo, T., Bubba, L., Hartman, H., & Borg, M.-L. (2018). National outbreak of *Salmonella* Give linked to a local food manufacturer in Malta, October 2016. *Epidemiology and Infection*, 146(11), 1425–1432. <https://doi.org/10.1017/S0950268818001656>.
  57. Espinal Marín, P., Prieto Suárez, E., Otero Jiménez, S., & Máttar Velilla, V. (2006). Presencia del gen de invasividad invA en cepas de *Salmonella* spp. aisladas de alimentos del Caribe colombiano. *Revista de Salud Animal*. Recuperado de <http://revsalud.sld.cu>.
  58. European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control (EFSA and ECDC) (2018). The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. *EFSA journal*. European Food Safety Authority, 16(12), e05500. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2018.5500>.
  59. European Food Safety Authority. (2011). Scientific opinion on the public health hazards to be covered by inspection of meat (swine). *EFSA Journal*, 9(10), 2351. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2011.2351>.
  60. European Food Safety Authority. (2023). *Salmonella*. EFSA. <https://www.efsa.europa.eu/es/topics/topic/Salmonella>.
  61. Fashae, K., & Hendriksen, R. S. (2014). Diversity and antimicrobial susceptibility of *Salmonella* enterica serovars isolated from pig farms in Ibadan, Nigeria. *Folia Microbiologica*, 59(1), 69–77. <https://doi.org/10.1007/s12223-013-0270-6>.
  62. Fernando, T. C., Riverón, F., Jorge López Hernández, M., Laida, D., Ponce Martínez, M., Caridad, D., & Betarte, M. (2003). Resistencia bacteriana. *Revista Cubana de Medicina Militar*, 32(1).
  63. Ferrari, R. G., Rosario, D. K. A., Cunha-Neto, A., Mano, S. B., Figueiredo, E. E. S., & Conte-Junior, C. A. (2019). Worldwide Epidemiology of *Salmonella* Serovars in Animal-Based

- Foods: a Meta-analysis. *Applied and Environmental Microbiology*, 85(14).  
<https://doi.org/10.1128/AEM.00591-19>.
64. Finlay, B. B., & Falkow, S. (1997). Common themes in microbial pathogenicity revisited. *Microbiology and molecular biology reviews: MMBR*, 61(2), 136–169.  
<https://doi.org/10.1128/membr.61.2.136-169.1997>.
65. Flórez, N. Y., Arévalo, S. A., Rodríguez, E. C., Guerrero, J., Valverde, K. P., Díaz, P. L., Montaña, L. A., Gartner, D. M., Duarte, C., & Moreno, J. E. (2021). Brote de *Salmonella* enterica subsp. enterica serovar Give asociado con enfermedad transmitida por alimentos en Vichada, Colombia, 2015. *Biomédica*, 41(1), 41–51. <https://doi.org/10.7705/biomedica.5206>.
66. Food and Agriculture Organization of the United Nations & World Health Organization. (2009). *Salmonella* and *Campylobacter* in chicken meat: Meeting report. FAO.  
<https://www.fao.org/3/i1133e/i1133e.pdf>.
67. Food and Agriculture Organization of the United Nations & World Health Organization. (2005). Code of hygienic practice for meat (CAC/RCP 58-2005). FAO.  
[https://www.fao.org/input/download/standards/10196/CXP\\_058e.pdf](https://www.fao.org/input/download/standards/10196/CXP_058e.pdf).
68. Ford, L., Ellison, Z., Schwensohn, C., Griffin, I., Birhane, M. G., Cote, A., Fortenberry, G. Z., Tecle, S., Higa, J., Spencer, S., Patton, B., Patel, J., Dow, J., Maroufi, A., Robbins, A., Donovan, D., Fitzgerald, C., Burrell, S., Tolar, B., ... Francois Watkins, L. K. (2023). Strain of Multidrug-Resistant *Salmonella* Newport Remains Linked to Travel to Mexico and U.S. Beef Products — United States, 2021–2022. *MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report*, 72(45), 1225–1229. <https://doi.org/10.15585/mmwr.mm7245a3>.
69. Frye, J. G., & Jackson, C. R. (2013). Genetic mechanisms of antimicrobial resistance identified in *Salmonella* enterica, *Escherichia coli*, and *Enterococcus* spp. isolated from U.S. food animals. *Frontiers in microbiology*, 4, 135. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2013.00135>.
70. García A. C. (2012). Resistencia antibiótica en el Perú y América Latina. *Acta Médica Peruana*, 29(2), 99–103. Recuperado el 21 de noviembre de 2025 de [http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1728-59172012000200010&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1728-59172012000200010&lng=es&tlng=es)
71. Gargano, V., Sciortino, S., Gambino, D., Costa, A., Agozzino, V., Reale, S., Alduina, R., & Vicari, D. (2021). Antibiotic Susceptibility Profile and Tetracycline Resistance Genes Detection in *Salmonella* spp. Strains Isolated from Animals and Food. *Antibiotics*, 10(7), 809. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10070809>.

72. Gaspar, P., Mesías, F. J., Escribano, M., & Pulido, F. (2009). Assessing the technical efficiency of extensive livestock farming systems in Extremadura, Spain. *Livestock Science*, 121(1), 7-14.
73. Gastelo Acosta, R., & Maguiña Vargas, C. (2018). Mecanismo de resistencia bacteriana. *Diagnóstico*, 52, 82–85.
74. Giono-Cerezo, S., Santos-Preciado, J. I., Morfín-Otero, M. del R., Torres-López, F. J., & Alcántar-Curiel, M. D. (2020). Resistencia antimicrobiana. Importancia y esfuerzos por contenerla. *Gaceta Médica de México*, 156(2). <https://doi.org/10.24875/GMM.20005624>.
75. Grimont, P. A. D., & Weill, F.-X. (2007). Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars (9th ed.). Institut Pasteur / WHO Collaborating Centre for Reference and Research on *Salmonella*. [https://www.pasteur.fr/sites/default/files/veng\\_0.pdf](https://www.pasteur.fr/sites/default/files/veng_0.pdf) .
76. Grimont, P. A. D., & Weill, F.-X. (2019). Antigenic formulae of the *Salmonella* serovars. Institut Pasteur. Recuperado de [https://www.pasteur.fr/sites/default/files/veng\\_0.pdf](https://www.pasteur.fr/sites/default/files/veng_0.pdf).
77. Gutiérrez-Cogco, L., Montiel-Vázquez, E., Aguilera-Pérez, P., & González-Andrade, M. C. (2000). *Salmonella* serotypes identified in humans and animals in Mexico, 1988–1999. *Salmonella Newsletter*, 2, 1–3.
78. Hald, T., Vose, D., Wegener, H. C., & Koupeev, T. (2004). A Bayesian approach to quantify the contribution of animal-food sources to human salmonellosis. *Risk Analysis: an International Journal*, 24(1), 255-269.
79. Hendriksen, R. S., Vieira, A. R., Karlslose, S., Lo Fo Wong, D. M., Jensen, A. B., Wegener, H. C., & Aarestrup, F. M. (2011). Global monitoring of *Salmonella* serovar distribution from the World Health Organization Global Foodborne Infections Network Country Data Bank: results of quality assured laboratories from 2001 to 2007. *Foodborne pathogens and disease*, 8(8), 887–900. <https://doi.org/10.1089/fpd.2010.0787>.
80. Hernández, M., Gómez-Laguna, J., Luque, I., Herrera-León, S., Maldonado, A., Reguillo, L., & Astorga, R. J. (2013). *Salmonella* prevalence and characterization in a free-range pig processing plant: Tracking in trucks, lairage, slaughter line and quartering. *International Journal of Food Microbiology*, 162(1), 48–54. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.12.026>.
81. Holmes, A. H., Moore, L. S., Sundsfjord, A., Steinbakk, M., Regmi, S., Karkey, A., Guerin, P. J., & Piddock, L. J. (2016). Understanding the mechanisms and drivers of antimicrobial resistance. *The Lancet*, 387(10014), 176–187. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(15\)00473-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(15)00473-0).

82. Ibáñez S. C., y Candela A. A. (2023). Importancia de las prácticas de higiene y manipulación en matadero de porcino para la salud pública. *Nereis. Interdisciplinary Ibero-American Journal of Methods, Modelling and Simulation.*, 14. [https://doi.org/10.46583/nereis\\_2022.1.1039](https://doi.org/10.46583/nereis_2022.1.1039).
83. INEGI. (2010). Manual para el Levantamiento de la estadística de Sacrificio de Ganado en Rastros Municipales. Instituto Nacional de Estadística y Geografía. [www.inegi.org.mx](http://www.inegi.org.mx).
84. Institut Pasteur. (2020). Rapport d'activité annuel 2020: Centre National de Référence *Escherichia coli*, *Shigella* et *Salmonella* (CNR-ESS). [https://www.pasteur.fr/sites/default/files/rubrique\\_pro\\_sante\\_publicue/les\\_cnr/escherichia\\_coli\\_shigella\\_Salmonella/rapport\\_cnr-ess\\_2020.pdf](https://www.pasteur.fr/sites/default/files/rubrique_pro_sante_publicue/les_cnr/escherichia_coli_shigella_Salmonella/rapport_cnr-ess_2020.pdf).
85. ISO. (2017). ISO 6579-1:2017. Microbiology of the food chain — Horizontal method for the detection, enumeration and serotyping of *Salmonella* — Part 1: Detection of *Salmonella* spp. International Organization for Standardization. <https://cdn.standards.iteh.ai/samples/56712/37da386eff674e07b35f9025371ee283/ISO-6579-1-2017.pdf>.
86. Jiménez Pearson, M. A., Galas, M., Corso, A., Hormazábal, J. C., Duarte Valderrama, C., Salgado Marcano, N., Ramón-Pardo, P., & Melano, R. (2019). Consenso latinoamericano para definir, categorizar y notificar patógenos multirresistentes, con resistencia extendida o panresistentes. *Revista Panamericana de Salud Pública*, 1–8. <https://doi.org/10.26633/RPSP.2019.65>.
87. Jiu, Y., Meng, X., Hong, X., Huang, Q., Wang, C., Chen, Z., Zhao, L., Liu, X., Lu, Y., & Li, S. (2020). Prevalence and Characterization of *Salmonella* in Three Typical Commercial Pig Abattoirs in Wuhan, China. *Foodborne Pathogens and Disease*, 17(10), 620–627. <https://doi.org/10.1089/fpd.2019.2737>.
88. Joaquim, P., et al. (2021). Virulence genes and antimicrobial susceptibility in *Salmonella enterica* serotypes isolated from swine production in Argentina. *Revista Argentina de Microbiología*. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2020.09.005>.
89. Jones, B. D., Ghori, N., & Falkow, S. (1994). *Salmonella typhimurium* initiates murine infection by penetrating and destroying the specialized epithelial M cells of the Peyer's patches. *The Journal of experimental medicine*, 180(1), 15–23. <https://doi.org/10.1084/jem.180.1.15>.
90. Kang, L., Li, N., Li, P., Zhou, Y., Gao, S., Gao, H., Xin, W., & Wang, J. (2017). MALDI-TOF mass spectrometry provides high accuracy in identification of *Salmonella* at species level but is limited to type or subtype *Salmonella* serovars. *European Journal of Mass Spectrometry*, 23(2), 70–82. <https://doi.org/10.1177/1469066717699216>.

91. Karim, S. J. I., Islam, M., Sikder, T., Rubaya, R., Halder, J., & Alam, J. (2020). Multidrug-resistant *Escherichia coli* and *Salmonella* spp. isolated from pigeons. *Veterinary World*, 13(10), 2156–2165. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2020.2156-2165>.
92. Kerouanton, A., Rose, V., Weill, F.-X., Granier, S. A., & Denis, M. (2013). Genetic Diversity and Antimicrobial Resistance Profiles of *Salmonella enterica* Serotype Derby Isolated from Pigs, Pork, and Humans in France. *Foodborne Pathogens and Disease*, 10(11), 977–984. <https://doi.org/10.1089/fpd.2013.1537>.
93. Khanam, J., Paul, S. K., Kobayashi, N., Nasreen, S. A., Ahmed, S., Haque, N., Paul, A., Nila, S. S., & Hosen, M. A. (2022). Detection of Quinolone Resistance Pattern and Presence of *qnr* Genes in Human *Salmonella* Isolates at Mymensingh, Bangladesh. *Mymensingh medical journal : MMJ*, 31(1), 94–98.
94. Khoo, E., Roslee, R., Zakaria, Z., & Ahmad, N. I. (2023). Virulence gene profiles and antimicrobial susceptibility of *Salmonella* Brancaster from chicken. *Journal of Veterinary Science*, 24(6). <https://doi.org/10.4142/jvs.23053>.
95. Kim, H. L., Rodriguez, R. D., Morris, S. K., Zhao, S., & Donato, J. J. (2020). Identification of a Novel Plasmid-Borne Gentamicin Resistance Gene in Nontyphoidal *Salmonella* Isolated from Retail Turkey. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 64(11), e00867-20. <https://doi.org/10.1128/AAC.00867-20>.
96. Kirchner, M., Goulter, R. M., Chapman, B. J., Clayton, J., & Jaykus, L. A. (2021). Cross-Contamination on Atypical Surfaces and Venues in Food Service Environments. *Journal of food protection*, 84(7), 1239–1251. <https://doi.org/10.4315/JFP-20-314>.
97. Kivali, V., Roesel, K., Dohoo, I., Alinaitwe, L., Bugeza, J. K., Hoona, J. J., Mugizi, D. R., Kankya, C., Dang-Xuan, S., Szabo, I., Rösler, U., Friese, A., & Cook, E. A. J. (2024a). Non-typhoidal *Salmonella* among slaughterhouse workers and in the pork value chain in selected districts of Uganda. *Frontiers in Veterinary Science*, 11. <https://doi.org/10.3389/fvets.2024.1427773>.
98. Kivali, V., Roesel, K., Dohoo, I., Alinaitwe, L., Bugeza, J. K., Hoona, J. J., Mugizi, D. R., Kankya, C., Dang-Xuan, S., Szabo, I., Rösler, U., Friese, A., & Cook, E. A. J. (2024b). Non-typhoidal *Salmonella* among slaughterhouse workers and in the pork value chain in selected districts of Uganda. *Frontiers in Veterinary Science*, 11. <https://doi.org/10.3389/fvets.2024.1427773>.
99. Kopper, G., Calderón, G., Schneider, S., Domínguez, W., & Gutiérrez, G. (2009). Enfermedades transmitidas por alimentos y su impacto socioeconómico: Estudios de caso en

- Costa Rica, El Salvador, Guatemala, Honduras y Nicaragua. Organización Panamericana de la Salud (OPS/OMS). <https://iris.paho.org/handle/10665.2/5187>.
100. Lerminiaux, N. A., & Cameron, A. D. S. (2019). Horizontal transfer of antibiotic resistance genes in clinical environments. *Canadian Journal of Microbiology*, 65(1), 34–44. <https://doi.org/10.1139/cjm-2018-0275>.
  101. Litrup, E., Torpdahl, M., Malorny, B., Huehn, S., Christensen, H., & Nielsen, E. M. (2010). Association between phylogeny, virulence potential and serovars of *Salmonella enterica*. *Infection, Genetics and Evolution*, 10(7), 1132–1139. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2010.07.015>.
  102. Locke, S. R., Pempek, J. A., Meyer, R., Portillo-Gonzalez, R., Sockett, D., Aulik, N., & Habing, G. (2022). Prevalence and Sources of *Salmonella* Lymph Node Infection in Special-Fed Veal Calves. *Journal of Food Protection*, 85(6), 906–917. <https://doi.org/10.4315/JFP-21-410>.
  103. Lou, L., Zhang, P., Piao, R., & Wang, Y. (2019). *Salmonella* Pathogenicity Island 1 (SPI-1) and Its Complex Regulatory Network. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 9. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2019.00270>.
  104. Luigi, T., Rojas, L., y Valbuena, O. (2015). Reacción en cadena de la polimerasa para la identificación de *Salmonella* spp. usando el gen invA. *Salus*, 19(3), 41-46. Recuperado en 21 de noviembre de 2025, de [http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1316-71382015000300008&lng=es&tlng=es](http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1316-71382015000300008&lng=es&tlng=es).
  105. Luo, M., She, Y., Jiang, Y., Xie, L., Yang, C., Qiu, Y., Cai, R., Li, Y., Xu, L., Hu, L., Wang, L., Wu, S., Chen, Q., Shi, X., Jiang, M., & Hu, Q. (2022). Population dynamics and antimicrobial resistance of *Salmonella* Derby ST40 from Shenzhen, China. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1065672>.
  106. Macfaddin, J. F. (2003). Pruebas Bioquímicas para la Identificación de Bacterias de Importancia Clínica: Vol. Tercera Edición.
  107. Mąka, Ł., Maćkiw, E., Ścieżyńska, H., Modzelewska, M., & Popowska, M. (2015). Resistance to Sulfonamides and Dissemination of sul Genes Among *Salmonella* spp. Isolated from Food in Poland. *Foodborne Pathogens and Disease*, 12(5), 383–389. <https://doi.org/10.1089/fpd.2014.1825>.
  108. Mandilara, Chrysostomou, Polemis, Duro, Karaj, Mathioudaki, Karadimas, Tryfinopoulou, Mellou, & Sideroglou. (2024). History repeats itself: consumption of a local

- traditional roast pork meat recipe leads to *Salmonella* ser. Give cases in Greece. Rural and Remote Health. <https://doi.org/10.22605/RRH8391>.
109. McCormic, Z. D., Patel, K., Higa, J., Bancroft, J., Donovan, D., Edwards, L., Cheng, J., Adcock, B., Bond, C., Pereira, E., Doyle, M., Wise, M. E., & Gieraltowski, L. (2022). Bi-national outbreak of *Salmonella* Newport infections linked to onions: the United States experience. *Epidemiology and Infection*, 150, e199. <https://doi.org/10.1017/S0950268822001571>.
  110. Mendonça, E. P., de Melo, R. T., Nalevaiko, P. C., Monteiro, G. P., Fonseca, B. B., Galvão, N. N., Giombelli, A., & Rossi, D. A. (2019). Spread of the serotypes and antimicrobial resistance in strains of *Salmonella* spp. isolated from broiler. *Brazilian Journal of Microbiology*, 50(2), 515–522. <https://doi.org/10.1007/s42770-019-00054-w>.
  111. Michael, G. B., Butaye, P., Cloeckaert, A., & Schwarz, S. (2006). Genes and mutations conferring antimicrobial resistance in *Salmonella*: an update. *Microbes and Infection*, 8(7), 1898–1914. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2005.12.019>.
  112. Mkangara M. (2023). Prevention and Control of Human *Salmonella* enterica Infections: An Implication in Food Safety. *International journal of food science*, 2023, 8899596. <https://doi.org/10.1155/2023/8899596>.
  113. Mondragón G., V., Moreno J., N., Sánchez L., L., & Gómez, A. P. (2022). Técnicas microbiológicas y moleculares para la identificación de *Salmonella* sp. en la industria avícola: una revisión sistemática de alcance. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Perú*, 33(6), e21268. <https://doi.org/10.15381/rivep.v33i6.21268>.
  114. Moreira, H. J., Bravo Solórzano, R. E., & Gavilanes López, P. I. (2019). Evaluación de procedimientos operativos estandarizados y de saneamiento en el faenamiento de cerdos. *Revista ESPAMCIENCIA*, 10(2), 58–62. Recuperado a partir de [https://revistasepam.esпам.edu.ec/index.php/Revista\\_ESPAMCIENCIA/article/view/183](https://revistasepam.esпам.edu.ec/index.php/Revista_ESPAMCIENCIA/article/view/183).
  115. Moreno M, Claudia, González E, Rubén, y Beltrán, Constanza. (2009). Mecanismos de resistencia antimicrobiana en patógenos respiratorios. *Revista de otorrinolaringología y cirugía de cabeza y cuello*, 69(2), 185-192. <https://dx.doi.org/10.4067/S0718-48162009000200014>.
  116. Muller, B., Cunha-Neto, A., Castro, V. S., Carvalho, R. C. T., Carvalho Teixeira, L. A., Rodrigues, D. dos P., & De Souza Figueiredo, E. E. (2021). *Salmonella* Schwarzengrund, Akuafo, and O:16 isolated from vacuum-packaged beef produced in the state of Mato Grosso, Brazil. *The Journal of Infection in Developing Countries*, 15(12), 1876–1882. <https://doi.org/10.3855/jidc.13726>.

117. Nathania, I., Nainggolan, I. M., Yasmon, A., Nusatia, A. Ch. M., Tjoa, E., Gunardi, W. D., & Moehario, L. H. (2022). Hotspots sequences of *gyrA*, *gyrB*, *parC*, and *parE* genes encoded for fluoroquinolones resistance from local *Salmonella* Typhi strains in Jakarta. *BMC Microbiology*, 22(1), 250. <https://doi.org/10.1186/s12866-022-02666-z>.
118. National Committee for Clinical Laboratory Standards. (2004a). Performance standards for antimicrobial susceptibility testing: Fourteenth informational supplement (M100-S14). NCCLS. [https://clsi.org/media/1469/m100s14\\_sample.pdf](https://clsi.org/media/1469/m100s14_sample.pdf).
119. National Committee for Clinical Laboratory Standards. (2004b). Performance standards for antimicrobial disk susceptibility tests (M2-A8). NCCLS. [https://clsi.org/media/1631/m02a8\\_sample.pdf](https://clsi.org/media/1631/m02a8_sample.pdf).
120. Nayarit-Ballesteros, N., Rubio-Lozano, M. S., Delgado-Suárez, E., Méndez-Medina, D., Braña-Varela, D., & Rodas-Suárez, O. (2016). Perfil de resistencia a antibióticos de serotipos de *Salmonella* spp. aislados de carne de res molida en la Ciudad de México. *Salud Pública de México*, 371–377. <https://doi.org/10.21149/spm.v58i3.7897>.
121. Nikaido, H. (1998). Multiple antibiotic resistance and efflux. *Current Opinion in Microbiology*, 1(5), 516–523. [https://doi.org/10.1016/S1369-5274\(98\)80083-0](https://doi.org/10.1016/S1369-5274(98)80083-0) NOM-210-SSA1-2014, Pub. L. No. 210 (2014).
122. Olarte, J., & Galindo, E. (1973). *Salmonella typhi* resistant to Chloramphenicol, Ampicillin, and Other Antimicrobial Agents: Strains Isolated During an Extensive Typhoid Fever Epidemic in Mexico. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 4(6), 597–601. <https://doi.org/10.1128/AAC.4.6.597>.
123. OMS. (2018). *Salmonella* (no tifoidea). [https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/Salmonella-\(non-typhoidal\)](https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/Salmonella-(non-typhoidal)).
124. Organismo Internacional Regional de Sanidad Agropecuaria (OIRSA). (2019). Manual de introducción a la inocuidad de los alimentos. Dirección Regional de Inocuidad de los Alimentos. <https://www.oirsa.org/contenido/2019/Manual%20de%20Introduccion%20a%20la%20Inocuidad%20de%20los%20alimentos%20-%20OIRSA.pdf>.
125. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO). (2005). Conceptos básicos de seguridad alimentaria y nutricional. Proyecto Estratégico de Seguridad Alimentaria (PESA). [https://coin.fao.org/coin-static/cms/media/13/13436725989060/conceptos\\_pdf-pesa1.pdf](https://coin.fao.org/coin-static/cms/media/13/13436725989060/conceptos_pdf-pesa1.pdf).

126. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO). (2023). Inocuidad y calidad de los alimentos. FAO. <https://www.fao.org/food-safety/es/>.
127. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO). (2011). El estado de la inseguridad alimentaria en el mundo 2011: ¿Cómo afecta la volatilidad de los precios internacionales a las economías nacionales y la seguridad alimentaria? FAO. <https://www.fao.org/3/i2330s/i2330s.pdf>.
128. Organización de las Naciones Unidas. (2015). Transformar nuestro mundo: La Agenda 2030 para el Desarrollo Sostenible. Naciones Unidas. <https://sdgs.un.org/es/2030agenda>
129. Organización Mundial de la Salud. (2024, 4 October). Food safety [Fact sheet]. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/food-safety>.
130. Organización Panamericana de la Salud. (2021). Resistencia a los antimicrobianos. Organización Panamericana de la Salud / Organización Mundial de la Salud. <https://www.paho.org/es/temas/resistencia-antimicrobianos>.
131. Orormi Durich J. (2000). Resistencia bacteriana a los antibióticos. Medicina Integral. Elsevier España. <https://www.elsevier.es/es-revista-medicina-integral-63-articulo-resistencia-bacteriana-osantibioticos-10022180>.
132. Ovuru, K. F., Izah, S. C., Ogidi, O. I., Imarhiagbe, O., & Ogwu, M. C. (2023). Slaughterhouse facilities in developing nations: sanitation and hygiene practices, microbial contaminants and sustainable management system. Food science and biotechnology, 33(3), 519–537. <https://doi.org/10.1007/s10068-023-01406-x>.
133. Parra, M., Durango, J., & Máttar, S. (2002). Microbiología, patogénesis, epidemiología, clínica y diagnóstico de las infecciones producidas por *Salmonella*. MVZ Córdoba, 7(2), 187–200.
134. Pavelquesi, S. L. S., de Oliveira Ferreira, A. C. A., Rodrigues, A. R. M., de Souza Silva, C. M., Orsi, D. C., & da Silva, I. C. R. (2021). Presence of Tetracycline and Sulfonamide Resistance Genes in *Salmonella* spp.: Literature Review. Antibiotics, 10(11), 1314. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10111314>.
135. Peregrino-Peña Ingrid Yossira, Héctor Hugo Pérez-Villarreal, Yesica Mayett-Moreno1, & Ezequiel Arvizu-Barrón. (2018). Factores que influyen en la calidad y decisión de compra de carne res en Chiapas, México Factors influencing quality and beef consumption in Chiapas, México. Nacameh, 12(1-14). [https://dialnet.unirioja.es/metricas/documentos/ARTREV/6455291?utm\\_source=chatgpt.com](https://dialnet.unirioja.es/metricas/documentos/ARTREV/6455291?utm_source=chatgpt.com)

136. Peruana, A. M., Ciro, C., Vargas, M., Mendoza, J. G., Vargas, C. M., & De María González, P. F. (2019). La resistencia a los antibióticos: un problema muy serio / Resistance to antibacterial agents: A serious problem. *Acta Medica Peru*, 36(2).
137. Piras, F., Fois, F., Mazza, R., Putzolu, M., Delogu, M. L., Lochi, P. G., Pani, S. P., & Mazzette, R. (2014). *Salmonella* Prevalence and Microbiological Contamination of Pig Carcasses and Slaughterhouse Environment. *Italian journal of food safety*, 3(4), 4581. <https://doi.org/10.4081/ijfs.2014.4581>.
138. Piras, F., Fois, F., Mazza, R., Putzolu, M., Delogu, M. L., Lochi, P. G., Pani, S. P., & Mazzette, R. (2014). *Salmonella* prevalence and microbiological contamination of pig carcasses and slaughterhouse environment. *Italian Journal of Food Safety*, 3(4). <https://doi.org/10.4081/ijfs.2014.4581>.
139. Pławińska-Czarnak, J., Wódz, K., Kizerwetter-Świda, M., Bogdan, J., Kwieciński, P., Nowak, T., Strzałkowska, Z., & Anusz, K. (2022). Multi-Drug Resistance to *Salmonella* spp. When Isolated from Raw Meat Products. *Antibiotics*, 11(7), 876. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11070876>.
140. Popoff, M. Y., Bockemühl, J., & Gheesling, L. L. (2004). Supplement 2002 (no. 46) to the Kauffmann–White scheme. *Research in Microbiology*, 155(7), 568–570. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2004.04.005>.
141. Prieto Suarez, C., Martinez Lobo, J. F., Sabales I Coma, J., & Cavajal Ureña, A. M. (2017). Enfermedades Infecciosas en el ganado porcino . *SERVET*.
142. Puig-Peña, Y., Espino-Hernández, M., Leyva-Castillo, V., Aportela-López, N., Machín-Díaz, M., & Soto-Rodríguez, P. (2011). Serovariedades y patrones de susceptibilidad a los antimicrobianos de cepas de *Salmonella* aisladas de alimentos en Cuba. *Revista Panamericana de Salud Pública*, 30(6), 561–565. [http://www.scielosp.org/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1020-49892011001200011](http://www.scielosp.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1020-49892011001200011).
143. Pungpian, C., Lee, S., Trongjit, S., Sinwat, N., Angkititrakul, S., Prathan, R., Srisanga, S., & Chuanchuen, R. (2021). Colistin resistance and plasmid-mediated mcr genes in *Escherichia coli* and *Salmonella* isolated from pigs, pig carcass and pork in Thailand, Lao PDR and Cambodia border provinces. *Journal of Veterinary Science*, 22(5). <https://doi.org/10.4142/jvs.2021.22.e>.
144. Qian, H., Cheng, S., Liu, G., Tan, Z., Dong, C., Bao, J., Hong, J., Jin, D., Bao, C., & Gu, B. (2020). Discovery of seven novel mutations of gyrB, parC and parE in *Salmonella* Typhi

- and Paratyphi strains from Jiangsu Province of China. *Scientific Reports*, 10(1), 7359. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-64346-0>.
145. Quesada, A., Reginatto, G. A., Ruiz Español, A., Colantonio, L. D., & Burrone, M. S. (2016). Resistencia antimicrobiana de *Salmonella* spp. aislada de alimentos de origen animal para consumo humano. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 33(1), 32. <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2016.331.1899>.
146. Quino, W., Hurtado, C. V., Meza, A. M., Zamudio, M. L., & Gavilán, R. G. (2020). Patrones de resistencia a los antimicrobianos en serovares de *Salmonella* enterica en Perú, 2012–2015. *Revista Chilena de Infectología*, 37(4), 395–401. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182020000400395>.
147. Reed, W. M., Olander, H. J., & Thacker, H. L. (1986). Studies on the pathogenesis of *Salmonella typhimurium* and *Salmonella choleraesuis* var *kunzendorf* infection in weanling pigs. *American Journal of Veterinary Research*, 47(1), 75–83. <https://doi.org/10.2460/ajvr.1986.47.01.75>.
148. Ren, J., Xia, J., Zhang, M., Liu, C., Xu, Y., Wu, J., Li, Y., Zhou, M., Li, S., & Cao, W. (2025). Automated identification of *Salmonella* serotype using MALDI-TOF mass spectrometry and machine learning techniques. *Journal of clinical microbiology*, 63(7), e0003725. <https://doi.org/10.1128/jcm.00037-25>.
149. Reyes-Rodríguez, N. E., Soriano-Vargas, E., Barba-León, J., Navarro, A., Talavera-Rojas, M., Sanso, A. M., & Bustamante, A. V. (2015). Genetic characterization of *Escherichia coli* isolated from cattle carcasses and feces in Mexico state. *Journal of food protection*, 78(4), 796–801. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-14-425>.
150. Rodríguez, E. C., Saavedra, S. Y., Montaña, L. A., Sossa, D. P., Correa, F. P., Vaca, J. A., & Duarte, C. (2023). Characterization of extended spectrum  $\beta$ -lactamases in Colombian clinical isolates of non-typhoidal *Salmonella* enterica between 1997 and 2022. Caracterización de  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido en aislamientos clínicos colombianos de *Salmonella* enterica no tifoidea de 1997 a 2022. *Biomedica: revista del Instituto Nacional de Salud*, 43(3), 374–384. <https://doi.org/10.7705/biomedica.6891>.
151. Roppa, L., Duarte, M. E., & Kim, S. W. (2024). — Invited Review — Pig production in Latin America. *Animal Bioscience*, 37(4), 786–793. <https://doi.org/10.5713/ab.23.0453>.
152. Routh, J. A., Pringle, J., Mohr, M., Bidol, S., Arends, K., Adams-Cameron, M., Hancock, W. T., Kissler, B., Rickert, R., Folster, J., Tolar, B., Bosch, S., Barton Behravesh, C.,

- Williams, I. T., & Gieraltowski, L. (2015). Nationwide outbreak of multidrug-resistant *Salmonella* Heidelberg infections associated with ground turkey: United States, 2011. *Epidemiology and Infection*, 143(15), 3227-3234. <https://doi.org/10.1017/S0950268815000497>.
153. Rozo, C., & Dussán, J. (2010). Analysing horizontal gene transfer in bioremediation trials using recalcitrant grease = Análisis de transferencia horizontal de genes en ensayos de biorremediación con grasas recalcitrantes. *Rev. Colomb. Biotecnol.*, 12(1), 22–31. <https://www.redalyc.org/pdf/776/77617786003.pdf>.
154. Ryan, K. J., & Ray, C. G. (2022). *Sherris Medical Microbiology* (8th ed.). McGraw-Hill Education.
155. SAGARPA. (2014). Reestructuración y modernización de rastros municipales. <https://www.gob.mx/agricultura%7Caguascalientes/articulos/reestructuracion-y-modernizacion-de-rastros-municipales>.
156. Saidenberg, A. B. S., Stegger, M., Semmler, T., Rocha, V. G. P., Cunha, M. P. V., Souza, V. A. F., Cristina Menão, M., Milanelo, L., Petri, B. S. S., & Knöbl, T. (2021). *Salmonella* Newport outbreak in Brazilian parrots: confiscated birds from the illegal pet trade as possible zoonotic sources. *Environmental Microbiology Reports*, 13(5), 702–707. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12984>.
157. Samreen, Ahmad, I., Malak, H. A., & Abulreesh, H. H. (2021). Environmental antimicrobial resistance and its drivers: a potential threat to public health. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 27, 101–111. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2021.08.001>.
158. Santos, R. L., Tsolis, R. M., Bäumlner, A. J., Smith, R., & Adams, L. G. (2001). *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium Induces Cell Death in Bovine Monocyte-Derived Macrophages by Early sipB -Dependent and Delayed sipB -Independent Mechanisms. *Infection and Immunity*, 69(4), 2293–2301. <https://doi.org/10.1128/IAI.69.4.2293-2301.2001>.
159. Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. (1994). NOM-008-ZOO-1994, Especificaciones zoosanitarias para la construcción y equipamiento de establecimientos para el sacrificio de animales y empaques de carnes. Diario Oficial de la Federación. <http://legismex.mty.itesm.mx/normas/zoo/zoo008m.pdf>.
160. Secretaría de Salud. (1994). Norma Oficial Mexicana NOM-114-SSA1-1994, Bienes y servicios. Método para la determinación de *Salmonella* en alimentos. Diario Oficial de la Federación. <https://www.ordenjuridico.gob.mx/Documentos/Federal/wo69538.pdf>.

161. Secretaría de Salud. (2021). NOM-021-SSA1-2021. Salud ambiental. Criterio para evaluar la calidad del aire ambiente, con respecto al monóxido de carbono (CO). Valores normados para la concentración de monóxido de carbono (CO) en el aire ambiente, como medida de protección a la salud de la población. Diario Oficial de la Federación. [https://www.dof.gob.mx/nota\\_detalle.php?codigo=5634084&fecha=29%2F10%2F2021](https://www.dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5634084&fecha=29%2F10%2F2021).
162. Secretaría de Salud. (2022). Boletín epidemiológico convencional. Sistema Único de Información para la Vigilancia Epidemiológica (SUIVE), semana epidemiológica 52, 2022. Dirección General de Epidemiología. <https://saludsinaloa.gob.mx/wp-content/uploads/2017/boletines/boletines-SUIVE/2022/BOLETIN%20CONVENCIONAL%20SEMANA%20EPIDEMIOLOGICA%2052.pdf>.
163. Sedeik, M. E., El-Shall, N. A., Awad, A. M., El-Hack, M. E. A., Hussein, E. O. S., Alowaimer, A. N., ... Swelum, A. A. (2019). Isolation, conventional and molecular characterization of *Salmonella* spp. from newly hatched broiler chicks. *AMB Express*, 9, Article 136. <https://doi.org/10.1186/s13568-019-0821-6>.
164. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). (2022). Panorama agroalimentario: Carne de cerdo 2022. Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural. <https://www.gob.mx/siap/documentos/panorama-agroalimentario-carne-de-cerdo-2022>.
165. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA). (2021, April 9). Cárnicos TIF, garantía de higiene e inocuidad. <https://www.gob.mx/senasica/articulos/carnicos-tif-garantia-de-higiene-e-inocuidad>.
166. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA). (2024). Monitor de Inocuidad Agroalimentaria. [https://dj.senasica.gob.mx/Contenido/files/2024/julio/MonitorInocuidad10072024\\_6d06d049-ac03-45eb-b6de-0050885a5236.pdf](https://dj.senasica.gob.mx/Contenido/files/2024/julio/MonitorInocuidad10072024_6d06d049-ac03-45eb-b6de-0050885a5236.pdf).
167. Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA), Dirección General de Inspección Fitozoosanitaria. (2022). Listado de rastros para el público [PDF]. Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural, Gobierno de México. [https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/736767/LISTADO\\_RASTROS\\_PUBLICO\\_220622.pdf](https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/736767/LISTADO_RASTROS_PUBLICO_220622.pdf).
168. Shell, W. S., Sayed, M. L., Allah, F. M. G., Gamal, F. E. M., Khder, A. A., Samy, A. A., & Ali, A. H. M. (2017). Matrix-assisted laser desorption-ionization-time-of-flight mass spectrometry as a reliable proteomic method for characterization of *Escherichia coli* and

- Salmonella* isolates. *Veterinary World*, 10(9), 1083–1093. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2017.1083-1093>.
169. Signorini Porchietto, M., Civit Gual, S., Bonilla Padilla, M., Cervantes Ramírez, M. E., Calderón Vázquez, M., Pérez Montecillo, A., Espejel Maya, M. del P., Almanza Rodríguez, C., & Flores Luna, J. L. (2006). Evaluación de riesgos de los rastros y mataderos municipales. Comisión Federal para la Protección contra Riesgos Sanitarios (COFEPRIS), Secretaría de Salud, Gobierno de México. Publicado en línea el 31 de diciembre de 2017. <https://www.gob.mx/cofepris/documentos/evaluacion-de-riesgos-de-los-rastros-y-mataderos-municipales>.
170. Simon, S., Trost, E., Bender, J., Fuchs, S., Malorny, B., Rabsch, W., Prager, R., Tietze, E., & Flieger, A. (2018). Evaluation of WGS based approaches for investigating a food-borne outbreak caused by *Salmonella* enterica serovar Derby in Germany. *Food Microbiology*, 71, 46–54. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2017.08.017>.
171. Singhal, N., Kumar, M., Kanaujia, P. K., & Viridi, J. S. (2015). MALDI-TOF mass spectrometry: an emerging technology for microbial identification and diagnosis. *Frontiers in Microbiology*, 6, 791. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00791>.
172. Soliani, L., Rugna, G., Prosperi, A., Chiapponi, C., & Luppi, A. (2023). *Salmonella* Infection in Pigs: Disease, Prevalence, and a Link between Swine and Human Health. *Pathogens*, 12(10), 1267. <https://doi.org/10.3390/pathogens12101267>.
173. Spickler, A. R. (2013). Nontyphoidal salmonellosis. Center for Food Security and Public Health, Iowa State University. [https://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/pdfs/nontyphoidal\\_salmonellosis.pdf](https://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/pdfs/nontyphoidal_salmonellosis.pdf).
174. Spiga, L., Jimenez, A. G., Santos, R. L., & Winter, S. E. (2021). How microbiological tests reflect bacterial pathogenesis and host adaptation. *Brazilian Journal of Microbiology*, 52(4), 1745–1753. <https://doi.org/10.1007/s42770-021-00571-7>.
175. Talavera-Rojas, M., Varela Guerrero, J. A., Reyes Rodríguez, N. E., Lagunas Bernabé, S., Valladares Carranza, B., Alonso Fresán, M. U., & Velázquez Ordoñez, V. (2011). Resistencia antibiótica de genotipos de cepas de *Salmonella* spp. de cerdos sacrificados en rastros del Estado de México. *Veterinaria México*, 42(4), 269–276. Recuperado el 21 de noviembre de 2025 de [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0301-50922011000400002&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0301-50922011000400002&lng=es&tlng=es).

176. Tarabla, H. D. Occupational risks in Veterinary Medicine in Latin America and the Caribbean. A review. (2017). *Ciencias Veterinarias*, 35(2), 65-84. <http://dx.doi.org/10.15359/rcv.35-2.2>.
177. Teng, K. T., Aerts, M., Jaspers, S., Ugarte-Ruiz, M., Moreno, M. A., Saez, J. L., Collado, S., de Frutos, C., Dominguez, L., & Alvarez, J. (2022). Patterns of antimicrobial resistance in *Salmonella* isolates from fattening pigs in Spain. *BMC Veterinary Research*, 18(1), 333. <https://doi.org/10.1186/s12917-022-03377-3>.
178. Thong, K.-L. (2010). Characterization of drug resistant *Salmonella enterica* Serotype Typhimurium by Antibigrams, Plasmids, Integrons, Resistance Genes and PFGE. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, 20(6), 1042–1052. <https://doi.org/10.4014/jmb.0910.10028>.
179. Threlfall, E. J. (2002). Antimicrobial drug resistance in *Salmonella*: problems and perspectives in food- and water-borne infections. *FEMS Microbiology Reviews*, 26(2), 141–148. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6976.2002.tb00606.x>.
180. Tokuda, M., & Shintani, M. (2024). Microbial evolution through horizontal gene transfer by mobile genetic elements. *Microbial Biotechnology*, 17(1). <https://doi.org/10.1111/1751-7915.14408>.
181. UERIA. (2011). Perfil de riesgo *Salmonella* spp. (no tifoideas) en pollo entero y en piezas. <https://www.minsalud.gov.co/sites/rid/Lists/BibliotecaDigital/RIDE/IA/INS/perfil-Salmonella-spp.pdf>.
182. Uribe, C., & Suárez, M. C. (2006). Salmonelosis no tifoidea y su transmisión a través de alimentos de origen aviar. *Colombia médica*, 37(2), 151-158.
183. Valencia C., P. A., Barragán, V., & Trueba P., G. A. (2010). Evidence of horizontal gene transfer of antibiotic resistance genes from environmental bacteria. *ACI Avances En Ciencias E Ingenierías*, 2(2). <https://doi.org/10.18272/aci.v2i2.25>.
184. Varela-Guerrero, J. A., Talavera-Rojas, M., Gutiérrez-Castillo, A. del C., Reyes-Rodríguez, N. E., & Vázquez-Guadarrama, J. (2013). Phenotypic–genotypic resistance in *Salmonella* spp. isolated from cattle carcasses from the north central zone of the State of Mexico. *Tropical Animal Health and Production*, 45(4), 995–1000. <https://doi.org/10.1007/s11250-012-0323-x>.
185. Villada M. J. (2013). Situación de rastros municipales alternativas para implementar un sistema para garantizar la calidad e inocuidad de la carne . Universidad Nacional Autónoma de México. <https://tesiunamdocumentos.dgb.unam.mx/ptd2013/agosto/0698508/Index.html>.

186. Vivian, C. C. U., Gandra, E. A., Carvalho, I. R., Demari, A. C. D., Rodrigues, G. R., Preto, S. M. S., Scheer, E. H., Marchi, G. M., Lautenchleger, F., Moura, N. B., & Hutra, D. J. (2021). *Salmonella* spp. in liver processing in a pig slaughterhouse in the south of Brazil. *Research, Society and Development*, 10(2), e56110210746. <https://doi.org/10.33448/rsd-v10i2.10746>.
187. Vo, A. T. T., van Duijkeren, E., Gaastra, W., & Fluit, A. C. (2010). Antimicrobial Resistance, Class 1 Integrons, and Genomic Island 1 in *Salmonella* Isolates from Vietnam. *PLoS ONE*, 5(2), e9440. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0009440>.
188. Vo, A. T., van Duijkeren, E., Gaastra, W., & Fluit, A. C. (2010). Antimicrobial resistance, class 1 integrons, and genomic island 1 in *Salmonella* isolates from Vietnam. *PloS one*, 5(2), e9440. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0009440>.
189. Von Wintersdorff, C. J. H., Penders, J., van Niekerk, J. M., Mills, N. D., Majumder, S., van Alphen, L. B., Savelkoul, P. H. M., & Wolffs, P. F. G. (2016). Dissemination of Antimicrobial Resistance in Microbial Ecosystems through Horizontal Gene Transfer. *Frontiers in Microbiology*, 7. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00173>.
190. Wayne D. W. (2006). *Bioestadística: Base para el análisis de las ciencias de la salud* (9.<sup>a</sup> ed.). Limusa Wiley.
191. WHO. (2010). *Foodborne disease outbreaks: Guidelines for investigation and control*. World Health Organization 2008. <https://www.who.int/publications/i/item/9789241547222>.
192. World Health Organization. (2015). Informe de la OMS señala que los niños menores de 5 años representan casi un tercio de las muertes por enfermedades de transmisión alimentaria. <https://www.who.int/es/news/item/03-12-2015-who-s-first-ever-global-estimates-of-foodborne-diseases-find-children-under-5-account-for-almost-one-third-of-deaths>.
193. World Organisation for Animal Health (WOAH). (2022). *Salmonellosis* (infection with *Salmonella* spp.). WOAH (formerly OIE). <https://www.woah.org/en/disease/salmonellosis/>.
194. Xiao, L., Hu, Y., Xiao, Q., Long, Y., Zhang, T., Qin, X., Xia, X., Li, Z., Wang, X., y Dong, Q. (2025). Molecular characteristics of *floR* fenicol-resistant *Salmonella* based on whole-genome sequencing. *LWT*, 216, 117323. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2025.117323>.
195. Xu, C., Shi, Y., Zhai, X., Miao, X., Liu, B., Kang, X., Jiao, X., Meng, C., & Pan, Z. (2025). *Salmonella* Prevalence in Carcasses and Cross-Contamination Risk Factors in Pig Slaughterhouses: A Systematic Evaluation and Meta-Analysis. *Foodborne pathogens and disease*. Advance online publication. <https://doi.org/10.1177/15353141251394923>

196. Xue, W., Macleod, J., & Blaxland, J. (2023). The Use of Ozone Technology to Control Microorganism Growth, Enhance Food Safety and Extend Shelf Life: A Promising Food Decontamination Technology. *Foods* (Basel, Switzerland), 12(4), 814. <https://doi.org/10.3390/foods12040814> Centers for Disease Control and Prevention (CDC). (2023). *Salmonella* infection (salmonellosis). <https://www.cdc.gov/Salmonella/index.html>
197. Yan, Z., Li, Y., Ni, Y., Xia, X., Zhang, Y., Wu, Y., Zhang, J., Chen, G., Li, R., & Zhang, R. (2024). Plasmid-borne tigeicycline resistance gene tet(X4) in *Salmonella* enterica and *Escherichia coli* isolates from a pediatric patient with diarrhea. *Drug resistance updates: reviews and commentaries in antimicrobial and anticancer chemotherapy*, 77, 101145. <https://doi.org/10.1016/j.drug.2024.101145>
198. Yanestria, S. M., Rahmaniar, R. P., Wibisono, F. J., & 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>.
199. Yesigat, T., Jemal, M., & Birhan, W. (2020). Prevalence and Associated Risk Factors of *Salmonella* , *Shigella* , and Intestinal Parasites among Food Handlers in Motta Town, North West Ethiopia. *Canadian Journal of Infectious Diseases and Medical Microbiology*, 2020, 1–11. <https://doi.org/10.1155/2020/6425946>.
200. Yokoyama, E., Maruyama, S., Kabeya, H., Hara, S., Sata, S., Kuroki, T., & Yamamoto, T. (2007). Prevalence and genetic properties of *Salmonella* enterica serovar typhimurium definitive phage type 104 isolated from *Rattus norvegicus* and *Rattus house* rats in Yokohama City, Japan. *Applied and environmental microbiology*, 73(8), 2624–2630. <https://doi.org/10.1128/AEM.02465-06>.
201. Zishiri, O. T., Mkhize, N., & Mukaratirwa, S. (2016). Prevalence of virulence and antimicrobial resistance genes in *Salmonella* spp. isolated from commercial chickens and human clinical isolates from South Africa and Brazil. *The Onderstepoort journal of veterinary research*, 83(1), a1067. <https://doi.org/10.4102/ojvr.v83i1.1067>.