

SALMONELLA SPP COMO CONTAMINANTE DE LA CARNE DE POLLO: UNA REVISIÓN

SALMONELLA SPP AS A CONTAMINANT OF CHICKEN MEAT: A REVIEW

Sandra Cruz Quintana ^{1*}

¹ Departamento Medicina Veterinaria, Facultad Ciencias Agropecuarias, Universidad Técnica de Ambato. Ecuador. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8510-1294>. Correo: sm.cruz@uta.edu.ec

Oscar Núñez Torres²

² Departamento Medicina Veterinaria, Facultad Ciencias Agropecuarias, Universidad Técnica de Ambato. Ecuador. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-9593-5850>. Correo: op.nunez@uta.edu.ec

Michel Leiva Mora³

³ Departamento Medicina Veterinaria, Facultad Ciencias Agropecuarias, Universidad Técnica de Ambato. Ecuador. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1846-4060>. Correo: m.leiva@uta.edu.ec

Pedro Díaz Sjostrom⁴

⁴ Clínica Veterinaria del Norte SJOVET. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4546-0986>. Correo: sjovet.veterinaria@gmail.com

*** Autor para correspondencia:** sm.cruz@uta.edu.ec

Resumen

El objetivo de la investigación fue profundizar en los riesgos que causa la presencia de Salmonella spp, en la carne de pollo contaminada, características de su genoma, el tipo de infección que provoca, los síntomas clínicos, vías de transmisión, entre otros factores de riesgo, tanto en los animales como en el hombre. La Salmonella por su actividad en un pH óptimo de 6,7-6,8 junto a su capacidad de resistencia a sales biliares, capacidad patógena; fimbrias para su adhesión a las células del hospedero, plásmidos, islas de patogenicidad, antígenos polisacáridos O, Vi, entre otros, permiten y favorecen la replicación de la bacteria en el organismo y en alimentos, siendo un grave problema de salud pública por ser una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en las personas en todo el mundo.

Palabras clave: Carne de pollo; *Salmonella*; contaminación; factores de virulencia; salud pública

Abstract

The objective of the research was to delve into the risks caused by the presence of Salmonella spp in contaminated chicken meat, characteristics of its genome, the type of infection it causes, clinical symptoms, transmission routes, among other risk factors. , both in animals and in man. Salmonella due to its activity at an optimal pH of 6.7-6.8 together with its resistance to bile salts, pathogenic capacity; fimbriae for their adhesion to host cells, plasmids, pathogenicity islands, O, Vi polysaccharide antigens, among others, allow and favor the replication of the bacteria in the organism and in food, being a serious public health problem because it is one of leading causes of morbidity and mortality in people worldwide.

Keywords: Chicken meat; *Salmonella*; contamination; virulence factors; public health

Fecha de recibido: 15/14/2022

Fecha de aceptado: 01/06/2023

Fecha de publicado: 02/07/2023

Introducción

Debido al gran aporte nutricional que representa la carne para la dieta humana juega un papel importante en la dieta diaria, sin embargo, es necesario realizar un abordaje oportuno en la incidencia microbiológica en canales de pollo, haciendo énfasis en diferentes puntos de estudio sean estos puntos de venta de pollo crudo y camales. A lo largo de los años la carne de pollo se ha incorporado como la proteína principal de las dietas, contiene 20% de proteína y su contenido de grasa es de los más bajos de entre todas las carnes de origen animal, destaca por su contenido en ácido fólico, vitamina B3 además de vitaminas y minerales (Fandos et al., 2014).

Tomando en cuenta que los alimentos de origen animal son de fácil contaminación, tanto que es inevitable el deterioro de su calidad; la higiene que se mantenga desde la fase de faenamiento hasta el almacenamiento en los puntos de venta es la responsable de la presencia de microorganismos patógenos en la carne. A la carne de pollo se la considera como la más propensa a contaminación debido a distintas características propias como por ejemplo el alto contenido proteico y su pH cercano a la neutralidad son las que la hacen factible la presencia de bacterias direccionándolas a causar una ETA (enfermedad transmitida por alimentos) (Jesús Balcázar, 2020).

Tales cantidades de agentes infecciosos entre los cuales están virus, hongos, parásitos y bacterias que son las responsables de casi el 90 % que afectan la salud del consumidor, lo que se le atribuye a la producción, manejo, envío, repartición o expendio de los comestibles (Gomez-Portilla et al., 2016). La contaminación es muy común debido a las bacterias generalmente entéricas que habitan en la carne de pollo por lo que puede ser un vehículo para la transmisión de enfermedades ETA como, Salmonelosis, Listeriosis,

Campilobacteriosis, además de *E. coli* y *Yersinia pseudotuberculosis*. La OMS estima que alrededor de 600 millones de personas alrededor del mundo contraen una ETA por alimentos contaminados, por lo que la manipulación adecuada de alimentos tiene gran incidencia en las mismas por lo que involucra aspectos desde el lavado manos, cadena de frío adecuada y cocción de los puntos más importantes para evitar contaminación (Vásquez-Ampuero & Tasayco-Alcántara, 2020).

Es de gran importancia para la salud en general conocer las *Salmonellas*, su ciclo de vida, estructura y patogenia, ya que esta bacteria usualmente está asociada a las principales infecciones transmitidas en los alimentos. A pesar de que una gran proporción de los casos de *Salmonella* no son de gravedad, en ocasiones podría causar la muerte, esto en dependencia del serotipo de la bacteria y del sistema inmune del individuo. Como médicos veterinarios, el conocer la taxonomía, historia, procesos metabólicos de la *Salmonella*, como de muchas otras bacterias es relevante, para prevenir, diagnosticar y dar tratamientos específicos a la infección presentada. La elaboración de esta revisión bibliográfica se genera con la finalidad de conocer y advertir sobre los peligros que causa la existencia de *Salmonella* spp, en los alimentos contaminados.

Materiales y métodos

Para realizar esta revisión se han empleado herramientas tecnológicas, así como el uso de plataformas en las que se encontró tesis de maestrías, doctorados, revistas y artículos científicos. Este documento se vale más específicamente de la base de datos Pub-Med, Scopus, Scielo, Redalcy y Red-Med-Vet, en las que se consultó información relacionada con la metodología a desarrollar.

La información obtenida data de publicaciones actualizadas sobre el tema. De un total de 85 documentos, fueron seleccionados 76 referencias que abordan argumentos científicos sobre los detalles de la *Salmonella*.

Resultados y discusión

Taxonomía de *Salmonella*

Reino: Bacteria

Filo: Proteobacteria

Clase: Gammaproteobacteria

Orden: Enterobacteriales

Familia: *Enterobacteriaceae*

Género: *Salmonella*

Especie 1: *Salmonella enterica*

Subespecie:

(I) *enterica*

(II) *salamae*

(IIIa) *arizonae* (IIIb) *diarizonae*

(IV) *houtamae* (VI) *indica*

Especie 2: *Salmonella bongori*

(Ryan et al., 2017)

El símbolo romano V se reserva para los serotipos de *S. bongori*. *Salmonella enterica* agrupa a los patógenos de más interés para la salud pública. Como exponente de lo anterior se considera la fiebre tifoidea causada por *Salmonella* Typhi, una infección sistémica común en países en vías de desarrollo. En raras ocasiones *Salmonella* Paratyphi (A, B y C) puede producir un cuadro clínico similar, aunque de menor gravedad. Las demás subespecies de *S. entérica* y también *S. bongori* son habitantes del ambiente y se asocian con animales de sangre fría. Acorde a los recientes cambios en su taxonomía también se aparejaron cambios significativos en su nomenclatura; solo se conservan los nombres para los serovares de la subespecie enterica. Estas denominaciones no deben escribirse en cursiva (itálica) a fin de enfatizar que no corresponden a especies y sus nombres comienzan con mayúscula (Tindall et al., 2005).

Teniendo en cuenta este razonamiento y según las normas actuales la manera correcta de denominación sería *Salmonella* Typhi, de forma abreviada, y *Salmonella enterica*, subespecie enterica serovariedad Typhi, por la nomenclatura más completa para el mismo agente patógeno. De ambas formas está correcta su escritura, pero esta dualidad, unida a nombres tan largos, ha sido motivo de confusión hasta estos días para muchos investigadores y no son pocos los profesionales que usan las denominaciones que les corresponderían según su antigua consideración de especies y escriben *Salmonella enteritidis* o *Salmonella typhi*. Esta es la forma incorrecta de escritura, o sea, ambas palabras en cursiva, pues haría pensar en enteritidis o typhi como especie, en la era genómica la designación de la serovariedad solo a partir de los datos de la secuencia del genoma es confiable y se puede utilizar para la elaboración de informes por lo que se recomienda un cambio en el uso de datos de secuencia para el nombramiento de rutina de todas las *Salmonella* (Chattaway et al., 2021).

Morfología y estructura

La *Salmonella* es una bacteria Gram negativa que tiene una estructura de flagelos peritricos, no poseen una cápsula y tampoco son esporulados, también este tipo de bacteria presenta pili, y un nucleoide donde está presente el ADN, poseen citoplasma, ribosomas, membrana plasmática, pared celular, plásmido (Chattaway, 2021), (Knodler & Elfenbein, 2019) y (Herrera & Jabib, 2015).

Metabolismo

La *Salmonella* spp posee un metabolismo oxidativo y fermentativo, dentro del cual llega a producir ácido y gas en bajas cantidades durante el proceso de fermentación de la glucosa u otros hidratos de carbono, debido a que son catalasa positivos en algunos casos y oxidasas negativos. Estos se multiplican bien en medios ordinarios como en agares *Salmonella*-*Shigella*, agar nutritivo y agar XLD. Se puede evidenciar la presencia de colonias a partir de las 18 a 24 horas de 2 a 3 um de diámetro, sin embargo, algunos serotipos llegan a producir colonias enanas (Parra et al., 2002) y (Kehl et al., 2020).

Salmonella requiere un pH de 6,6 a 6,8, estos valores estimados quieren decir que este tipo de bacteria está dentro de un pH ligeramente ácido que casi se aproxima a un pH alcalino por lo que este factor puede tener un efecto inhibitorio sobre la bacteria (Jiang et al., 2018).

De acuerdo con la temperatura a la que crece este tipo de bacterias sobrepasan los 20° centígrados, pero su temperatura óptima de crecimiento es de 35 a 37 grados centígrados (Roy et al., 2021) y (Deblais et al., 2019). *Salmonella* puede eliminarse de los alimentos con una cocción adecuada, 24 segundos a 60°C y 2,6 segundos a 65°C (Sörqvist, 2003), sin embargo, no se sabe lo suficiente sobre los cambios en la temperatura central de

la carne de pollo y la supervivencia de las bacterias transmitidas por los alimentos después de la cocción dado que las bacterias transmitidas por los alimentos pueden establecer infecciones cuando están presentes en pequeñas cantidades o multiplicarse durante el almacenamiento después de la cocción, si permanecen en el pollo después de la cocción, el riesgo de enfermedades transmitidas por los alimentos también permanece (Shimajima et al., 2022).

Estudios han demostrado cambios en el proteoma de *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium dependiendo de los cambios en el medio de cultivo y la temperatura con influencias potenciales sobre la virulencia en varios entornos (Elpers et al., 2022). La expresión de genes de producción de biofilm (adr A, bap A), genes de virulencia (hil A, inv A) y el gen de estrés (RpoS) de *Salmonella enterica* ser. Enteritidis y Typhimurium no está directa y exclusivamente asociada con la temperatura y condiciones de pH (Badie et al., 2021).

Propiedades bioquímicas

La bacteria *Salmonella* se caracteriza por ser anaerobia facultativa, poseen una flagelación peritrica, por ende, poseen movilidad con excepciones de ciertos serotipos Gallinarum y Pollorum. La mayor parte son productores de gas debido a la fermentación de los carbohidratos, específicamente la glucosa, pero existen excepciones como: los serotipos de Typhi, Gallinarum y Pollorum. La proliferación de *Salmonella* in vivo requiere la síntesis de nuevos componentes como proteínas, carbohidratos, lípidos y ácidos nucleicos a partir de precursores de moléculas pequeñas. *Salmonella* puede obtener estos precursores del almacenamiento interno, como el glucógeno o los lípidos o directamente del microambiente del huésped (p. ej., aminoácidos) y/o sintetizarlos a partir de unos pocos carbonos básicos del huésped (como el acetato), glicerol y glucosa, nitrógeno (p. ej., amonio), azufre (p. ej., sulfato) y fósforo (p. ej., fosfato) (Bumann & Schothorst, 2017).

Las *Salmonellas* toleran índices altos de concentraciones de sales biliares y su crecimiento no se ve interrumpido por colorantes como la eosina, azul de metileno, entre otros. No son fermentadoras de lactosa a excepción de la *Salmonella choleraesuis* subsp. adiarizonae y arizonae (Kim et al., 2009).

La mayor parte de los serotipos de *Salmonella enterica* tienen propiedades químicas semejantes, sin embargo, el serotipo S. Typhi es distinta a los otros debido a que posee un metabolismo muy lento, con un bajo índice de producción de ácido sulfhídrico y manifestación reacciones negativas en citrato Simmons, fermentación de dulcitol, ornitina descarboxilasa, mucato y acetato (Hume et al., 2003).

Características del genoma

La información genética de la *Salmonella* se encuentra localizada dentro un cromosoma principal denominado nucleóide, siendo esta una molécula de ADN con doble hélice circular organizada en dominios (Pornsukarom et al., 2018). Los plásmidos son moléculas de ADN extra cromosómico, los mismos que se replican independientemente del cromosoma, por ende, son parte de ADN conteniendo genes para su supervivencia, siendo este también un factor de virulencia (Villacís, 2019) y (Bogomazova et al., 2020). Estos plásmidos reciben el nombre de pS-V, y poseen un locus conformado por 5 genes los cuales entran en la categoría spv RABCD, siendo el gen spvR un codificador para la expresión de genes spv (Alikhan et al., 2018).

Hay que tener en cuenta que dependiendo de los serotipos de la *Salmonella* van a existir otros genes que se relacionan con los factores de virulencia, mencionando algunos como los genes rsk y rck, mismos que actúan como resistencia contra los bacteriolíticos, el locus spf suprime la respuesta inmunitaria del huésped, el Operón pef BACDI posibilita la adherencia al intestino de los ratones, así mismo como parte del genoma se encuentra la isla de patogenicidad, dado a que esta influye en la colonización de los huéspedes mediante la penetración de eritrocitos y su supervivencia contra los macrófagos, existiendo así 5 tipos: SPI-1 Y SPI-2,

SPI3, SPI-4, SPI5, presentándose estos en todos los serotipos de la bacteria aparte de involucrarse cada uno de estos en funciones como la supervivencia contra macrófagos, la enteropatogénesis y la proliferación celular (Yap & Thong, 2017).

Factores de virulencia

Las bacterias disponen de mecanismos de patogenicidad que emergen una vez superada la barrera de defensa del hospedero. Por ende, dicho patógeno posee la característica de ocasionar daños, a cualquier nivel, dentro de un hospedero susceptible. Entonces la virulencia toma un papel cuantitativo de patogenicidad y se indica mediante la cantidad de microorganismos específicos para producir la enfermedad (Márquez Marisol et al., 2019). Y es así, como estos mecanismos de patogenicidad otorgan la capacidad de si una bacteria puede ser altamente virulenta o por el contrario posee un índice bajo de virulencia. Generando así un proceso infeccioso mediante etapas: la adhesión, invasión, evasión de la respuesta inmune y finalmente el daño al tejido (García et al., 1992). Siendo los siguientes los factores de virulencia considerados en participar en la bacteria *Salmonella*:

Fimbrias

La bacteria *Salmonella* posee diferentes tipos de fimbrias las cuales son estructuras superficiales que son de naturaleza proteica, las mismas que facilitan la adhesión mediante su unión a receptores con especificidades, en las células del huésped. Entre ellas se destacan las “long polar fimbria” siendo un mediador en la unión de la bacteria con las placas Peyer en el ratón, viéndose la implicación del operón *lpfABCDE* (Webber et al., 2019). Por lo tanto, la bacteria puede expresar o no la *Lpf*, esto con relación a la respuesta de la producción de anticuerpos por parte del huésped a este tipo de fimbrias. Otras fimbrias que se encuentran en la mayor parte de los serotipos es la “thin aggregative fimbria” las cuales para ser funcionales necesitan del operón *agfDEFG* y *agfBAC*, siendo el primero en participar en la formación y ensamble de las fimbrias (Figuerola & Verdugo, 2005).

Plásmidos

Los plásmidos específicamente son denominados “plásmidos serotipo-específicos” siendo portadores de la región de la *spv* conformada por genes determinados *spvRABCD*, que intervienen en la multiplicación intracelular de esta bacteria (Shigemura et al., 2021). Además de contener otros loci como “operón *pef*” implicado en la biosíntesis de fimbrias o los “*rck* y *rsk*” en la resistencia al suero. Siendo el primero de los loci, específicamente sus productos, en intervenir en la adhesión inducida de esta bacteria a las células Peyer del ratón (Martínez Álvarez Noelia, 2007).

Islas de patogenicidad

Son agrupaciones de genes considerablemente largas localizadas dentro de su cromosoma, codificando a determinantes con el fin de establecer interacciones con el huésped, dado a que son necesarias para identificar la manifestación de virulencia (Belgin Siriken, 2013). De igual forma, estas presentan contenidos de GC en un grado menor en comparación con el cromosoma, a la vez de estar insertadas en genes que codifican ARNt (Mulvey et al., 2006).

Salmonella emplea dos mecanismos de secreción Tipo III codificados por la isla de patogenicidad de *Salmonella* 1 (SPI-1) y la isla de patogenicidad de *Salmonella* 2 (SPI-2) que desempeñan un papel crucial en la patogénesis. SPI-1 es un grupo de genes y consta de una región de 40 kb, que incluye 39 genes que codifican T3SS-1 (Sistema de secreción tipo3-1) y sus chaperonas y proteínas efectoras, así como algunos reguladores

transcripcionales que controlan la expresión de muchos genes de virulencia ubicados dentro y fuera de SPI-1 (Zhao et al., 2018).

El SPI-1 asociado a la virulencia se ha explorado ampliamente en las interacciones entre *Salmonella* y sus huéspedes. SPI-1 afecta todo el proceso de Salmonelosis, incluida la invasión de patógenos, la proliferación y las respuestas del huésped. Una mayor comprensión de SPI-1 y su compleja red regulatoria podría contribuir a la investigación de fármacos y al control de la infección por *Salmonella* (Lou et al., 2019).

La *Salmonella* no tifoidea induce la apoptosis de los macrófagos y, por lo tanto, reduce la producción de citoquinas inflamatorias a través de la expresión de SPI-1. Este mecanismo en la interacción huésped-patógeno puede explicar por qué *Salmonella* generalmente se manifiesta como bacteriemia oculta con menos síndrome de respuesta inflamatoria sistémica en la infección del torrente sanguíneo (Lin et al., 2021).

Citotoxina

La citotoxina de *Salmonella* podría ser secretada por la bacteria durante su interacción con células epiteliales intestinales y es un componente de la membrana externa de este patógeno. Esta toxina contribuye a la inhibición de la síntesis de las proteínas permitiendo así el escape del calcio de la célula huésped con el fin de aniquilar las demás células (Reitmeyer et al., 1986).

Sideróforos

Debido a que el hierro es un factor determinante en el crecimiento bacteriano, a pesar de que en el huésped se encuentra hierro en gran cantidad, estas no pueden utilizarlo directamente, por ende, entra estos sistemas enzimáticos sideróforos los cuales poseen una gran eficiencia en tomar el hierro en competencia con otras proteínas presentes en el huésped (Mey et al., 2021) ; (Saldaña-Ahuactzi & Knodler, 2022).

Cápsula

Solo *S. Typhi* forma cápsula, este factor se encuentra conformado por una red de polímeros recubriendo así la superficie de la bacteria, que frecuentemente se encuentra conformado por polisacáridos, en donde juega un papel importante a la hora de proteger a dicha bacteria ante la respuesta inflamatoria por parte del huésped, impidiendo así la fagocitosis por parte de los macrófagos de este. La cápsula de polisacáridos (antígeno Vi) es un factor único para la virulencia de *S. Typhi*, previene el reconocimiento por el sistema inmune debido a que evita el contacto del lipopolisacárido (López Méndez, 2022) y (Jahan et al., 2022).

Flagelos

Son los denominados apéndices cuyo tamaño es largo, los mismos que se encuentran fijados en un extremo de la célula, permitiendo así el libre movimiento o desplazamiento de un punto a otro. Así, su filamento se encuentra conformado por subunidades de una determinada proteína llamada flagelina. En otras palabras, este factor interviene en la motilidad de la bacteria (Kim et al., 2009). Una excepción importante son las biovariedades Gallinarum y Pullorum del serovar Gallinarum, que no expresan flagelos de fase 1 o fase 2 y, por lo tanto, no son móviles (Foley et al., 2013).

La síntesis, ensamblaje y mantenimiento de flagelos requiere >50 genes, sin embargo, la subunidad antigénica, la flagelina, está codificada por tres genes, fliC (fase 1), fljB (fase 2) y flpA (fase 3; rara y a menudo codificada por plásmidos). *Salmonella* emplea la variación de fase, un reordenamiento genético reversible, para cambiar entre la expresión de fliC y fljB, un mecanismo que utilizan varios patógenos bacterianos importantes (García-Pastor et al., 2019).

Aunque no hay evidencia obvia que vincule antígenos flagelares específicos con diferencias en virulencia o adaptaciones del huésped, se ha establecido la regulación de flagelos tras la infección como un mecanismo para reducir o prevenir la activación de una respuesta inmune del huésped (Srikumar et al., 2015).

Antígeno polisacárido O

Las vesículas de membrana externa (OMV) producidas por bacterias Gram-negativas contienen componentes biológicamente activos como proteínas y lipopolisacáridos, que realizan diversas funciones biológicas, incluida la participación en la vía secretora, la infección bacteriana, la fisiología y la virulencia (Lycke, 2012). Estos se encuentran en la envoltura celular específicamente en su membrana externa desempeñando un rol relevante en la patogénesis de la infección, mediante la relación con el huésped y su sistema inmune. Este antígeno incrementa la acción virulenta debido a que la infección sucede en una ruta en la cual se ven expuestas a macrófagos con la capacidad de matar a la *Salmonella*, por su participación como una barrera de protección. Estudios previos han confirmado que los polisacáridos heterólogos que actúan como antígenos protectores importantes podrían incorporarse a *S. Typhimurium*, induciendo así la activación inmune (Pfeifer & Hill, 2021).

Antígeno ViB

Este antígeno no actúa directamente como un requisito para invadir las células epiteliales sino por el contrario actúa como un factor de protección ante los antígenos O versus los anticuerpos y su acción. Debido a que estos últimos actúan sobre este facilitando la fagocitosis, todo esto debido a que este es resistente a la fagocitosis en la carencia de anticuerpos con especificidades (García et al., 1992).

Endotoxinas

La membrana externa expresa un potente inductor de la respuesta inmunitaria, el lipopolisacárido (LPS), que se compone de tres unidades: un polisacárido hidrofílico, el antígeno O, y un dominio hidrofóbico conocido como lípido A. Los lípidos A son responsables de la mayor actividad endotóxica de estas bacterias, la biogénesis de LPS también ha recibido atención como un posible objetivo farmacológico para tratar infecciones causadas por bacterias Gram-negativas. Los inhibidores de la biogénesis de LPS podrían matar organismos en los que el glicolípido es esencial, pero también podrían hacer que todos los productores de LPS sean altamente permeables a otros antibióticos. Se han desarrollado varios compuestos que inhiben la biosíntesis y el transporte de LPS, y algunos se encuentran en ensayos clínicos, pero aún no se ha aprobado ningún compuesto para uso clínico (Sperandeo et al., 2017).

Las endotoxinas son complejos liposacárido-lipoproteína, se caracterizan por poseer un elevado grado de termoestabilidad. Sus mecanismos de acción se presentan de manera general mediante la presencia de fiebre dado a que estas estimulan la liberación de pirógenos endógenos, que son proteínas, que actúan sobre el centro termorregulador del cerebro (Yang et al., 2018).

Enterotoxina

La enterotoxina de *Salmonella* (stn) es codificada por un gen observado en especies de *Salmonella* pero su función en la patogenia no ha sido dilucidada en detalle (Yamasaki et al., 2021). Estas son exotoxinas que influyen en el intestino delgado, debido a que causan una segregación de líquidos de manera masiva en la luz intestinal. Como consecuencia desencadenar vómitos y diarrea. Estas se adquieren con frecuencia por intoxicación alimentaria y se presentan en la bacteria *Salmonella* enteritidis (Biernbaum & Kudva, 2022). *S.*

enterica es un patógeno típico transmitido por los alimentos con múltiples efectos tóxicos, que incluyen invasividad, endotoxinas y enterotoxinas (Bhutia et al., 2021) y (Cheng et al., 2019).

Proteínas antifagocíticas inducidas por oxyR

Son las encargadas de neutralizar los productos producidos por los macrófagos que tienen carácter tóxico, debido a la respuesta de defensa antibacteriana por parte del huésped, potenciando la patogenicidad de estas bacterias ocasionando la invasión mediante la neutralización de la defensa del huésped, que usualmente impide el crecimiento de la bacteria dentro de la célula (Kim et al., 2009).

Vías de transmisión

Los animales son los principales portadores de *Salmonella* en especial las aves de corral, porcinos, bovinos y animales silvestres su ingreso al organismo o vías de contagio abarcan la oral o gastrointestinal por la ingesta de huevos, derivados de este producto no cocidos, además de la propia carne de pollo poco cocida con el patógeno. Se han reportado casos de infección por consumo de hortalizas con heces, un contagio más directo por vía fecal - oral, y la transmisión más escasa es en contactos prolongados e intensos con un ser humano o mascota portadora sin una expresión de los síntomas (Diard & Hardt, 2017).

Se cree que la mayoría de las enfermedades por *Salmonella* no tifoidea (NTS) en los Estados Unidos son transmitidas por los alimentos. Sin embargo, es probable que las rutas de transmisión varíen entre los diferentes serotipos (Luvsansharav et al., 2020). Los animales son la principal fuente de este patógeno, y los alimentos de origen animal son la principal ruta de transmisión a los humanos. Por lo tanto, comprender la epidemiología global de los serovares de *Salmonella* es clave para controlar y monitorear esta bacteria (Ferrari et al., 2019).

Claramente, en la industria avícola, la limpieza y desinfección de los equipos y el entorno es un desafío, con la máquina desplumadora como el punto más crítico y no menos importante las etapas del escaldado y eviscerado, necesitando una mayor optimización de los protocolos de limpieza y desinfección y un diseño de equipos más higiénico, ya que puede ocurrir contaminación cruzada en varias etapas del faenamiento de las aves (Zeng et al., 2021).

Enfermedades en el hombre

Actualmente la carne de aves como pollo es la más consumida dentro del país, sin embargo, esta carne contiene bacterias que pueden llegar a causar enfermedades. Dentro de las cuales frecuentemente encontramos la *Salmonella* spp, *Escherichia coli*, *Campylobacter* spp y *Listeria monocytogenes* (Sampedro et al., 2022) y (Herrera & Jabib, 2015).

Las enfermedades que llega a ocasionar la *Salmonella* spp son varias, se encuentran clasificadas en el grupo de las Salmonelosis, el cual se encuentra dividida en dos grupos. El primer grupo de Salmonelosis causa la fiebre tifoidea, mientras que la segunda Salmonelosis causa síndromes gastrointestinales siendo estas las enfermedades más comunes que presentan los hombres. Las fiebres entéricas son causadas por la Salmonelosis tifoidea, dentro del cual podemos encontrar dos tipos de fiebres, cada una causada por diferentes tipos de *Salmonella* (Trawinski et al., 2020).

En el caso de la fiebre tifoidea es producida por *Salmonella* Typhi, la cual está relacionada con infiltraciones mononucleares debido a la presencia de la isla de patogenicidad 7, en donde los factores del locus vía B junto con el antígeno capsular Vi impide los reconocimientos a los antígenos y facilita el proceso de infección sistémica. La fiebre paratifoidea es causada por *Salmonella* Paratyphi A, B, o C, así mismo podemos encontrar septicemia o también conocida como infección extraintestinal los cuales están conectados directa o

indirectamente con el sistema gastrointestinal. Ambas enfermedades son causadas por el consumo de carne de pollos contaminada (Manesh et al., 2021) y (Recio et al., 2021).

Enfermedades en los animales

En el caso de los animales encontramos diferentes tipos de Salmonelosis principalmente en las aves. La pullorosis la cual es causada por la *Salmonella* Pullorum y afecta principalmente a gallinas, pavos y en menor grado a palomos, así mismo encontramos las infecciones paratifoideas (mal de ala), las cuales en este caso pueden ser producidas por diferentes especies de *Salmonella* como la *S. Typhimurium*, *S. Enteritidis* y *S. Heidelberg*. Mientras que la tifoidea aviar es causada por la *Salmonella* Gallinarum. Encontramos la infección causada comúnmente por los serotipos de *Salmonella* Arizonae (Parra et al., 2002).

Factores de riesgo asociados a las contaminaciones de la carne de pollo con *Salmonella* spp.

Los factores de riesgo son entendidos como factores que pueden ser modificados con gran facilidad, los cuales suelen ser identificados mediante estudios epidemiológicos. En uno de estos estudios se identificó como factor de riesgo al nivel de higiene que maneja la empresa, mediante la identificación de los canales avícolas ya que es ahí donde se observó el estado de higiene del lugar, así mismo se realizó coprocultivos y frotis de manos con el producto terminado para revisar el rol de higiene (Zeng et al., 2021).

Dado que el pollo crudo es un buen reservorio de *Salmonella*, el aumento en la producción y el consumo de carne de ave ha ido acompañado de un aumento en las enfermedades transmitidas por los alimentos debido a la infección por *Salmonella* que se remonta a los productos de carne de ave (Wessels et al., 2021).

De acuerdo con Valdez (2018) otro factor de riesgo se encuentra presente en las cáscaras del huevo o en huevos crudos y en huevos no rotos los cuales podrían contener la bacteria *Salmonella* Enteritidis. De igual manera las contaminaciones con *Salmonellas* pueden ocurrir dentro de las granjas avícolas debido a las condiciones insalubres (falta de higiene) en las que los mantienen, así como los locales superpoblados, el estrés climático o falta de alimentación adecuada, los cuales perjudican al producto final, la carne (Jibril et al., 2020).

Un estudio de Dinamarca en las últimas décadas también encontró que las temporadas con mayor precipitación pueden ayudar a la supervivencia de *Salmonella* spp. y aumentar la contaminación de las canales de carne durante el sacrificio, el transporte y la venta al por menor, por lo que se recomiendan enfáticamente intervenciones para mejorar las prácticas higiénicas en los mercados. La participación política del gobierno local es vital para el éxito de la intervención y la reducción de ETAs (Rortana et al., 2021).

Los efectos de los elementos climáticos y las diferencias en el riesgo de contaminación entre estaciones son diferentes ya que los pollos enviados en invierno y primavera tenían un alto riesgo de contaminación por *Salmonella* y sería necesario reforzar las medidas de higiene durante la crianza en estas épocas (Ishihara et al., 2020).

Diagnóstico de laboratorio

A medida que los países y las regiones avanzan hacia la integración de la vigilancia de *Salmonella* para la detección de brotes y el análisis de tendencias, la necesidad de sistemas de gestión de datos y herramientas de análisis ha ido creciendo proporcionalmente. El cambio en la epidemiología de *Salmonella*, la tecnología de la información ahora está haciendo posible análisis de datos que se habrían considerado demasiado intensivos en el pasado como proyectos basados en la metagenómica, para secuenciar microorganismos (Besser, 2018). La detección rápida y precisa de *Salmonella* spp. es esencial para el manejo clínico de los casos, la gestión de riesgos de laboratorio y la implementación de medidas de salud pública. Los métodos actuales utilizados para

la confirmación de la identificación, incluida la bioquímica y la serotipificación, así como los análisis de secuenciación del genoma completo, tardan varios días (Nair et al., 2019).

Recientemente, ha habido un énfasis en el uso de herramientas moleculares rápidas y precisas (p. ej., PCR en tiempo real) para la detección de *Salmonella* en países de bajos y medianos ingresos donde la enfermedad es endémica con fines de vigilancia epidemiológica. Los datos de estos estudios de vigilancia ayudarán a los países a tomar decisiones basadas en evidencia para facilitar las medidas de control y prevención para permitir la detección rápida de brotes (Carey et al., 2019).

Complejidades asociadas a los análisis microbiológicos de animales aumentan la dificultad de aislar *Salmonella*. El alimento es una matriz no homogénea, el muestreo y submuestreo inadecuado del alimento representan el 98% del error en el análisis. Existen dos problemas principales al aislar *Salmonella* del alimento. Primero, debido al estado biológico de *Salmonella* en el alimento, el medio de pre-enriquecimiento que se utiliza para permitir que el patógeno potencialmente lesionado se recupere biológicamente y entre en la fase de registro para su detección, y el segundo problema es que durante la fase de recuperación, los microorganismos presentes en el alimento excretan subproductos ácidos o el alimento en sí tiene ácidos, lo que reduce el pH de los medios y disminuye la capacidad de recuperación de *Salmonella* (Walker, 2020).

En la actualidad CRISPR (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats) se presta como una herramienta útil para subtipificación y serotipificación de *Salmonella enterica* ya que *Salmonella* tiene dos CRISPR, CRISPR1 y CRISPR2, y las secuencias de repetición directa y espaciadora tienen 29 y 32 nucleótidos de longitud, respectivamente (Vosik et al., 2018).

La tecnología basada en LAMP (Loop-mediated isothermal amplification) con el gen diana *invA* establecido en estudios, puede detectar *Salmonella* con precisión sin instrumentos de detección costosos. Representa un nuevo medio de detección rápida de *Salmonella*, particularmente en condiciones de alta demanda y recursos limitados de laboratorios primarios, áreas de tratamiento de desastres y sitios de infección, entre otros (Ou et al., 2021).

Salmonella spp. es una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en los niños en muchos países en desarrollo en todo el mundo. El impacto en la salud humana mundial de la Salmonelosis no tifoidea (NTS) es alto, con un estimado de 93,8 millones de casos. 80,3 millones de casos estaban relacionados con la transmisión alimentaria. En América Latina, Asia y África, la incidencia notificada de *Salmonella* spp. es de 200 a 500 casos por 100.000 habitantes anuales. La transmisión de *Salmonella* spp. de persona a persona es poco común, los alimentos se consideran la principal fuente de exposición humana, con un 95% estimado de infecciones relacionadas con alimentos de origen animal (Quesada et al., 2016).

S. enterica subesp. *enterica* serovar Enteritidis (*S. Enteritidis*) es un serovar que coloniza el tracto reproductivo de los pollos, incluidas otras aves y animales salvajes, por lo general de forma asintomática. Además, la bacteria utiliza los huevos de aves como principal vehículo de infección, que pueden contaminarse interna y en la superficie de la capa exterior. También existen otros factores que aumentan la infección por *S. Enteritidis* entre humanos, como la contaminación cruzada de alimentos crudos y preparados, así como la existencia de manipuladores de alimentos infectados asintomáticos, por todas estas razones, es una zoonosis emergente transmitida por alimentos (Quino et al., 2020).

Salmonella enterica Typhimurium (ST) es responsable de la mayoría de los casos de intoxicación alimentaria en varios países. Se caracteriza por ser una bacteria zoonótica inespecífica que puede infectar tanto a humanos como a animales y aunque la mayoría de las infecciones provocadas por este microorganismo provocan

únicamente una gastroenteritis autolimitada, algunas cepas de ST han demostrado ser invasivas, atravesando la pared intestinal y llegar a la circulación sistémica. Esta capacidad de patogenicidad inusual está estrechamente relacionada con los factores de virulencia de ST (dos Santos et al., 2019).

Se ha demostrado que muchos factores de virulencia desempeñan una variedad de funciones en la patogenia de las infecciones por *Salmonella*. Estos factores incluyen flagelos, cápsulas, plásmidos, sistemas de adhesión y sistemas de secreción tipo 3 (T3SS) codificados en la isla de patogenicidad de *Salmonella* (SPI)-1 y SPI-2 y otras SPI. Estos factores, solos o en combinación con otros, permiten que la *Salmonella* colonice a su huésped a través de la unión, la invasión, la supervivencia y eludir los mecanismos de defensa del huésped, como la acidez gástrica, las proteasas gastrointestinales y las defensinas, así como las agresiones del microbioma intestinal (Wang et al., 2020).

La norma ecuatoriana que regula los requisitos para el consumo de carnes y menudencias comestibles de animales de abasto establece la ausencia total de *Salmonella* como requisito microbiológico por los riesgos que implica para la salud pública (NTE INEN 2346, 2016).

Conclusiones

La carne de pollo como proteína de alto valor biológico es muy susceptible de contaminarse con microorganismos como las bacterias debido a sus propiedades fisicoquímicas como pH neutro, características nutricionales, actividad de agua y temperatura, factores que al alterarse favorecen la contaminación microbiológica de la carne.

Salmonella spp. es un patógeno zoonótico de gran preocupación para la salud humana y animal a nivel mundial. Es una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en las personas en todo el mundo, que puede colonizar con éxito animales y humanos, y también se encuentra en el medio ambiente. *Salmonella* spp. se encuentran entre los patógenos transmitidos por los alimentos más importantes, los animales y los alimentos de origen animal son la principal vía de transmisión a los humanos. Esta bacteria causa manifestaciones clínicas severas, incluyendo gastroenteritis aguda y fiebre tifoidea.

La Salmonelosis debida al consumo de productos avícolas contaminados es un problema de salud pública bien conocido, y la evaluación de la distribución de los serovares de *Salmonella* entre las aves se vuelve importante para una mejor prevención y control.

La vigilancia epidemiológica constante para determinar la presencia de *Salmonella* spp. en la carne de pollo y la educación sanitaria del personal que la manipula son aspectos muy importantes que ayudarían a evitar la transmisión de esta enfermedad al consumidor.

Agradecimientos

Los autores desean expresar su agradecimiento a la Dirección de Investigación y Desarrollo de la Universidad Técnica de Ambato por el financiamiento otorgado.

A la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Técnica de Ambato por el apoyo brindado para la realización de este trabajo.

Referencias

- Alikhan, N. F., Zhou, Z., Sergeant, M. J., & Achtman, M. (2018). A genomic overview of the population structure of Salmonella. In PLoS Genetics (Vol. 14, Issue 4). Public Library of Science. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1007261>
- Badie, F., Saffari, M., Moniri, R., Alani, B., Atoof, F., Khorshidi, A., & Shayestehpour, M. (2021). The combined effect of stressful factors (temperature and pH) on the expression of biofilm, stress, and virulence genes in Salmonella enterica ser. Enteritidis and Typhimurium. Archives of Microbiology, 203(7), 4475–4484. <https://doi.org/10.1007/s00203-021-02435-y>
- Belgin Siriken. (2013). Salmonella Patojenite Adaları Salmonella Pathogenicity Islands. Mikrobiyol Bul, 47(1), 181–188. <https://doi.org/10.5578/mb.4138>
- Besser, J. M. (2018). Salmonella epidemiology: A whirlwind of change. In Food Microbiology (Vol. 71, pp. 55–59). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2017.08.018>
- Bhutia, M. O., Thapa, N., & Tamang, J. P. (2021). Molecular Characterization of Bacteria, Detection of Enterotoxin Genes, and Screening of Antibiotic Susceptibility Patterns in Traditionally Processed Meat Products of Sikkim, India. Frontiers in Microbiology, 11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.599606>
- Biernbaum, E. N., & Kudva, I. T. (2022). AB5 Enterotoxin-Mediated Pathogenesis: Perspectives Gleaned from Shiga Toxins. Toxins, 14(1). <https://doi.org/10.3390/toxins14010062>
- Bogomazova, A. N., Gordeeva, V. D., Krylova, E. V., Soltynskaya, I. V., Davydova, E. E., Ivanova, O. E., & Komarov, A. A. (2020). Mega-plasmid found worldwide confers multiple antimicrobial resistance in Salmonella Infantis of broiler origin in Russia. International Journal of Food Microbiology, 319. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2019.108497>
- Bumann, D., & Schothorst, J. (2017). Intracellular Salmonella metabolism. In Cellular Microbiology (Vol. 19, Issue 10). Blackwell Publishing Ltd. <https://doi.org/10.1111/cmi.12766>
- Carey, M. E., Diaz, Z. I., Zaidi, A. K. M., & Steele, A. D. (2019). A Global Agenda for Typhoid Control - A Perspective from the Bill & Melinda Gates Foundation. Clinical Infectious Diseases, 68, S42–S45. <https://doi.org/10.1093/cid/ciy928>
- Chattaway, M. A., Langridge, G. C., & Wain, J. (2021). Salmonella nomenclature in the genomic era: a time for change. Scientific Reports, 11(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-86243-w>
- Cheng, R. A., Eade, C. R., & Wiedmann, M. (2019). Embracing diversity: Differences in virulence mechanisms, disease severity, and host adaptations contribute to the success of nontyphoidal salmonella as a foodborne pathogen. Frontiers in Microbiology, 10(JUN). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01368>
- Deblais, L., Helmy, Y. A., Testen, A., Vrisman, C., Jimenez Madrid, A. M., Kathayat, D., Miller, S. A., & Rajashekara, G. (2019). Specific Environmental Temperature and Relative Humidity Conditions and Grafting Affect the Persistence and Dissemination of Salmonella enterica subsp. enterica Serotype Typhimurium in Tomato Plant Tissues. <https://doi.org/10.1128/AEM>
- Diard, M., & Hardt, W.-D. (2017). Basic Processes in Salmonella -Host Interactions: Within-Host Evolution and the Transmission of the Virulent Genotype . Microbiology Spectrum, 5(5). <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.mtbp-0012-2016>

- dos Santos, A. M. P., Ferrari, R. G., & Conte-Junior, C. A. (2019). Virulence Factors in Salmonella Typhimurium: The Sagacity of a Bacterium. In Current Microbiology (Vol. 76, Issue 6, pp. 762–773). Springer New York LLC. <https://doi.org/10.1007/s00284-018-1510-4>
- Elpers, L., Deiwick, J., & Hensel, M. (2022). Effect of Environmental Temperatures on Proteome Composition of Salmonella enterica Serovar Typhimurium. Molecular and Cellular Proteomics, 21(8). <https://doi.org/10.1016/j.mcpro.2022.100265>
- Fandos, E. G., Jesús, M., Díez, C., & Académico, C. (2014). Calidad y seguridad microbiológica de la carne de pollo: con especial referencia a la incidencia de Salmonella, Campylobacter y Listeria monocytogenes en las distintas etapas de producción y procesado. <https://dialnet.unirioja.es/descarga/tesis/46794.pdf>
- 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>
- Figueroa Ochoa, I. M., & Verdugo Rodríguez, A. (2005). Mecanismos moleculares de patogenicidad de Salmonella sp. Revista Latinoamericana de Microbiología, 47(1–2), 25–42.
- Foley, S. L., Johnson, T. J., Ricke, S. C., Nayak, R., & Danzeisen, J. (2013). Salmonella Pathogenicity and Host Adaptation in Chicken-Associated Serovars. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 77(4), 582–607. <https://doi.org/10.1128/mmb.00015-13>
- García, J. A., Paniagua, J., Pelayo, R., Isibasi, A., & Kumate, J. (1992). Factores de virulencia de Salmonella typhi en relación al desarrollo de nuevas vacunas. Salud Pública de México, 34(3), 262–267. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=10634304>
- García-Pastor, L., Puerta-Fernández, E., & Casadesús, J. (2019). Bistability and phase variation in Salmonella enterica. In Biochimica et Biophysica Acta - Gene Regulatory Mechanisms (Vol. 1862, Issue 7, pp. 752–758). Elsevier B.V. <https://doi.org/10.1016/j.bbagr.2018.01.003>
- Gomez-Portilla, M., Gomez, N., & Martínez-Benavides, J. (2016). Evaluación de las características organolépticas, físicas y químicas de pechuga de pollo, en San Juan de Pasto (Nariño). Veterinaria y Zootecnia, 10(2), 62–71. <https://doi.org/10.17151/vetzo.2016.10.2.6>
- Herrera, B. Y., & Jabib, R. L. (2015). Salmonelosis, zoonosis de las aves y una patogenia muy particular. REDVET - Revista Electrónica de Veterinaria, 16(1), 1–19. <http://www.veterinaria.org/revistas/redvet/n010115.html>
- Hume, P. J., McGhie, E. J., Hayward, R. D., & Koronakis, V. (2003). The purified Shigella IpaB and Salmonella SipB translocators share biochemical properties and membrane topology. Molecular Microbiology, 49(2), 425–439. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2958.2003.03559.x>
- Ishihara, K., Nakazawa, C., Nomura, S., Elahi, S., Yamashita, M., & Fujikawa, H. (2020). Effects of climatic elements on salmonella contamination in broiler chicken meat in japan. Journal of Veterinary Medical Science, 82(5), 646–652. <https://doi.org/10.1292/jvms.19-0677>
- Jahan, F., Chinni, S. V., Samuggam, S., Reddy, L. V., Solayappan, M., & Yin, L. S. (2022). The Complex Mechanism of the Salmonella typhi Biofilm Formation That Facilitates Pathogenicity: A Review. In International Journal of Molecular Sciences (Vol. 23, Issue 12). MDPI. <https://doi.org/10.3390/ijms23126462>

- Jiang, Y., Dennehy, C., Lawlor, P. G., Hu, Z., Yang, Q., McCarthy, G., Tan, S. P., Zhan, X., & Gardiner, G. E. (2018). Inactivation of Salmonella during dry co-digestion of food waste and pig manure. *Waste Management*, 82, 231–240. <https://doi.org/10.1016/j.wasman.2018.10.037>
- Jibril, A. H., Okeke, I. N., Dalsgaard, A., Kudirkiene, E., Akinlabi, O. C., Bello, M. B., & Olsen, J. E. (2020). Prevalence and risk factors of Salmonella in commercial poultry farms in Nigeria. *PLoS ONE*, 15(9 September). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0238190>
- Kehl, A., Noster, J., & Hensel, M. (2020). Eat in or Take out? Metabolism of Intracellular Salmonella enterica. In *Trends in Microbiology* (Vol. 28, Issue 8, pp. 644–654). Elsevier Ltd. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2020.03.005>
- Kim, S. W., Moon, K. H., Baik, H. S., Kang, H. Y., Kim, S. K., Bahk, J. D., Hur, J., & Lee, J. H. (2009). Changes of physiological and biochemical properties of Salmonella enterica serovar Typhimurium by deletion of cpxR and lon genes using allelic exchange method. *Journal of Microbiological Methods*, 79(3), 314–320. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2009.09.025>
- Knodler, L. A., & Elfenbein, J. R. (2019). Trends in Microbiology|Microbe of the Month Salmonella enterica. <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.ARBA-0014>
- Lin, H. H., Chen, H. L., Weng, C. C., Janapatla, R. P., Chen, C. L., & Chiu, C. H. (2021). Activation of apoptosis by Salmonella pathogenicity island-1 effectors through both intrinsic and extrinsic pathways in Salmonella-infected macrophages. *Journal of Microbiology, Immunology and Infection*, 54(4), 616–626. <https://doi.org/10.1016/j.jmii.2020.02.008>
- López Méndez, G. (2022). Regulación del gen leuO por ArcA, Fis y OmpR en Salmonella Typhi. <http://riaa.uaem.mx:8080/xmlui/bitstream/handle/20.500.12055/2452/LOMGNR07T.pdf?sequence=1>
- Lou, L., Zhang, P., Piao, R., & Wang, Y. (2019). Salmonella Pathogenicity Island 1 (SPI-1) and Its Complex Regulatory Network. In *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* (Vol. 9). Frontiers Media S.A. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2019.00270>
- Luvsansharav, U. O., Vieira, A., Bennett, S., Huang, J., Healy, J. M., Hoekstra, R. M., Bruce, B. B., & Cole, D. (2020). Salmonella Serotypes: A Novel Measure of Association with Foodborne Transmission. *Foodborne Pathogens and Disease*, 17(2), 151–155. <https://doi.org/10.1089/fpd.2019.2641>
- Lycke, N. (2012). Recent progress in mucosal vaccine development: Potential and limitations. In *Nature Reviews Immunology* (Vol. 12, Issue 8, pp. 592–605). <https://doi.org/10.1038/nri3251>
- Manesh, A., Meltzer, E., Jin, C., Britto, C., Deodhar, D., Radha, S., Schwartz, E., & Rupali, P. (2021). Typhoid and paratyphoid fever: A clinical seminar. In *Journal of Travel Medicine* (Vol. 28, Issue 3). Oxford University Press. <https://doi.org/10.1093/jtm/taab012>
- Márquez Marisol, Barrera Guadalupe, & Díaz-Larrea Jhoana. (2019). Mecanismos de Patogenicidad de Escherichia Coli y Salmonella SSP. Contactos, Revista de Educación En Ciencias e Ingeniería, 113, 4–17. <https://contactos.izt.uam.mx/index.php/contactos/article/view/16/16>
- Martínez Álvarez Noelia. (2007). Virulencia, resistencia y elementos genéticos móviles en serotipos no prevalentes de Salmonella enterica. Universidad de Oviedo.
- Mey, A. R., Gómez-Garzón, C., & Payne, S. M. (2021). Iron Transport and Metabolism in Escherichia, Shigella, and Salmonella. *EcoSal Plus*, 9(2). <https://doi.org/10.1128/ecosalplus.esp-0034-2020>

- Mulvey, M. R., Boyd, D. A., Olson, A. B., Doublet, B., & Cloeckaert, A. (2006). The genetics of Salmonella genomic island 1. In *Microbes and Infection* (Vol. 8, Issue 7, pp. 1915–1922). <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2005.12.028>
- Nair, S., Patel, V., Hickey, T., Maguire, C., Greig, D. R., Lee, W., Godbole, G., Grant, K., & Chattaway, M. A. (2019). Real-time PCR assay for differentiation of typhoidal and nontyphoidal Salmonella. *Journal of Clinical Microbiology*, 57(8). <https://doi.org/10.1128/JCM.00167-19>
- Ou, H., Wang, Y., Gao, J., Bai, J., Zhang, Q., Shi, L., Wang, X., & Wang, C. (2021). Rapid detection of salmonella based on loop-mediated isothermal amplification. *Annals of Palliative Medicine*, 10(6), 6850–6858. <https://doi.org/10.21037/apm-21-1387>
- Parra, M., Durango, J., Máttar, S., & De Tema, R. (2002). *Microbiología, Patogénesis, Epidemiología, Clínica y Diagnóstico de las infecciones producidas por Salmonella* (Vol. 7, Issue 2).
- Pfeifer, B. A., & Hill, A. (2021). Vaccine Delivery Technology Methods and Protocols Methods in Molecular Biology 2183. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0795-4>
- Pornsukarom, S., Van Vliet, A. H. M., & Thakur, S. (2018). Whole genome sequencing analysis of multiple Salmonella serovars provides insights into phylogenetic relatedness, antimicrobial resistance, and virulence markers across humans, food animals and agriculture environmental sources. *BMC Genomics*, 19(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-018-5137-4>
- Quesada, A., Reginatto, G. A., Español, A. R., Colantonio, L. D., & Burrone, M. S. (2016). Antimicrobial resistance of Salmonella spp isolated animal food for human consumption. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Publica*, 33(1), 32–44. <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2016.331.1899>
- Quino, W., Caro-Castro, J., Mestanza, O., Hurtado, C. V., Zamudio, M. L., & Gavilan, R. G. (2020). Phylogenetic structure of Salmonella Enteritidis provides context for a foodborne outbreak in Peru. *Scientific Reports*, 10(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-78808-y>
- Recio, M. D. O., Burgos, G. G. O., Muñoz, R. P., & Ayerbe, C. G. (2021). Fiebre paratifoidea dos meses después de un viaje a la India. In *Revista Espanola de Quimioterapia* (Vol. 34, Issue 2, pp. 167–168). Sociedad Espanola de Quimioterapia. <https://doi.org/10.37201/req/139.2020>
- Reitmeyer, J. C., Peterson, J. W., Wilson, K. J., Reitmeyer, J. C. (, Peterson, J. W., & Wilson, K. J. (1986). Salmonella cytotoxin : a component of the bacterial outer membrane. In *Microbial Pathogenesis* (Vol. 1).
- Rortana, C., Nguyen-Viet, H., Tum, S., Unger, F., Boqvist, S., Dang-Xuan, S., Koam, S., Grace, D., Osbjer, K., Heng, T., Sarim, S., Phirum, O., Sophia, R., & Lindahl, J. F. (2021). Prevalence of salmonella spp. And staphylococcus aureus in chicken meat and pork from Cambodian markets. *Pathogens*, 10(5). <https://doi.org/10.3390/pathogens10050556>
- Roy, P. K., Ha, A. J. W., Mizan, M. F. R., Hossain, M. I., Ashrafudoulla, M., Tousehik, S. H., Nahar, S., Kim, Y. K., & Ha, S. Do. (2021). Effects of environmental conditions (temperature, pH, and glucose) on biofilm formation of Salmonella enterica serotype Kentucky and virulence gene expression. *Poultry Science*, 100(7). <https://doi.org/10.1016/j.psj.2021.101209>
- Ryan, M. P., O'Dwyer, J., & Adley, C. C. (2017). Evaluation of the Complex Nomenclature of the Clinically and Veterinary Significant Pathogen Salmonella. In *BioMed Research International* (Vol. 2017). Hindawi Limited. <https://doi.org/10.1155/2017/3782182>

- S. Sörqvist. (2003). Heat Resistance in Liquids of Enterococcus spp., Listeria spp., Escherichia coli, Yersinia enterocolitica, Salmonella spp. and Campylobacter spp. Acta Veterinaria Scandinavica, 44(1), 1–19.
- Saldaña-Ahuactzi, Z., & Knodler, L. A. (2022). FoxR is an AraC-like transcriptional regulator of ferrioxamine uptake in Salmonella enterica. Molecular Microbiology, 118(4), 369–386. <https://doi.org/10.1111/mmi.14970>
- Sampedro, F., Wells, S. J., Bender, J. B., & Hedberg, C. W. (2022). Retraction: Developing a risk management framework to improve public health outcomes by enumerating Salmonella in ground Turkey (Epidemiology and Infection (2019) 147 (E69) DOI: 10.1017/S095026881800328X). In Epidemiology and Infection (Vol. 150). Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/S0950268822000954>
- NTE INEN 2346 CARNE Y MENUENCIAS COMESTIBLES DE ANIMALES DE ABASTO. REQUISITOS MEAT AND EATABLE VISCERA. REQUIREMENTS, INEN (2016).
- Shigemura, H., Maeda, T., Nakayama, S., Ohishi, A., Carle, Y., Ookuma, E., Etoh, Y., Hirai, S., Matsui, M., Kimura, H., Sekizuka, T., Kuroda, M., Sera, N., Inoshima, Y., & Murakami, K. (2021). Transmission of extended-spectrum cephalosporin-resistant salmonella harboring a bla_{CMY-2}-carrying inca/c2 plasmid chromosomally integrated by isecp1 or is26 in layer breeding chains in Japan. Journal of Veterinary Medical Science, 83(9), 1345–1355. <https://doi.org/10.1292/jvms.21-0085>
- Shimajima, Y., Shimajima, H., & Morita, Y. (2022). Survival of Campylobacter jejuni, Salmonella, and Listeria monocytogenes and Temperature Change in Low-Temperature-Longtime-Cooked Chicken Meat. Journal of Food Protection, 85(8), 1166–1171. <https://doi.org/10.4315/JFP-22-114>
- Sperandeo, P., Martorana, A. M., & Polissi, A. (2017). Lipopolysaccharide biogenesis and transport at the outer membrane of Gram-negative bacteria. In Biochimica et Biophysica Acta - Molecular and Cell Biology of Lipids (Vol. 1862, Issue 11, pp. 1451–1460). Elsevier B.V. <https://doi.org/10.1016/j.bbalip.2016.10.006>
- Srikumar, S., Kröger, C., Hébrard, M., Colgan, A., Owen, S. V., Sivasankaran, S. K., Cameron, A. D. S., Hokamp, K., & Hinton, J. C. D. (2015). RNA-seq Brings New Insights to the Intra-Macrophage Transcriptome of Salmonella Typhimurium. PLoS Pathogens, 11(11). <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1005262>
- Tindall, B. J., Grimont, P. A. D., Garrity, G. M., & Euzéby, J. P. (2005). Nomenclature and taxonomy of the genus Salmonella. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 55(1), 521–524. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63580-0>
- Trawinski, H., Wendt, S., Lippmann, N., Heinitz, S., Von Braun, A., & Lübbert, C. (2020). Typhoid and paratyphoid fever. Zeitschrift Fur Gastroenterologie, 58(2), 160–170. <https://doi.org/10.1055/a-1063-1945>
- Valdes Munayco, P. (2018). Evaluación de la contaminación por Salmonella sp. en huevos que se expenden en los mercados de chinchá. Universidad Nacional San Luis Gonzaga.
- Vásquez-Ampuero Juan Marco, & Tasayco-Alcántara Walter Richard. (2020). Presencia de patógenos en carne cruda de pollo en centros de expendio, Huánuco-Perú: una problemática en salud. Journal of the Selva Andina Research Society, 11(2), 130–141. http://scielo.org.bo/pdf/jsars/v11n2/v11n2_a08.pdf
- Villacís, J. (2019). Análisis bioinformático de cuatro secuencias de genoma completo de Salmonella enterica de origen avícola.

- Vosik, D., Tewari, D., Dettinger, L., M'Ikanatha, N. M., & Shariat, N. W. (2018). CRISPR Typing and Antibiotic Resistance Correlates with Polyphyletic Distribution in Human Isolates of Salmonella Kentucky. *Foodborne Pathogens and Disease*, 15(2), 101–108. <https://doi.org/10.1089/fpd.2017.2298>
- Walker, J. M. (2020). *Salmonella Methods and Protocols* (Heide Schatten, Ed.; 3rd ed.). <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0791-6>
- Wang, M., Qazi, I. H., Wang, L., Zhou, G., & Han, H. (2020). Salmonella virulence and immune escape. In *Microorganisms* (Vol. 8, Issue 3). MDPI AG. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8030407>
- Webber, B., Borges, K. A., Furian, T. Q., Rizzo, N. N., Tondo, E. C., Dos Santos, L. R., Rodrigues, L. B., & Do Nascimento, V. P. (2019). Detection of virulence genes in salmonella heidelberg isolated from chicken carcasses. *Revista Do Instituto de Medicina Tropical de Sao Paulo*, 61. <https://doi.org/10.1590/s1678-9946201961036>
- Wessels, K., Rip, D., & Gouws, P. (2021). Salmonella in chicken meat: Consumption, outbreaks, characteristics, current control methods and the potential of bacteriophage use. In *Foods* (Vol. 10, Issue 8). MDPI AG. <https://doi.org/10.3390/foods10081742>
- Yamasaki, E., Matsuzawa, S., Takeuchi, K., Morimoto, Y., Ikeda, T., Okumura, K., & Kurazono, H. (2021). Rapid Serotyping of Salmonella Isolates Based on Single Nucleotide Polymorphism-Like Sequence Profiles of a Salmonella-Specific Gene. *Foodborne Pathogens and Disease*, 18(1), 31–40. <https://doi.org/10.1089/fpd.2020.2823>
- Yang, Y. A., Lee, S., Zhao, J., Thompson, A. J., McBride, R., Tsogtbaatar, B., Paulson, J. C., Nussinov, R., Deng, L., & Song, J. (2018). In vivo tropism of Salmonella Typhi toxin to cells expressing a multiantennal glycan receptor. *Nature Microbiology*, 3(2), 155–163. <https://doi.org/10.1038/s41564-017-0076-4>
- Yap, K. P., & Thong, K. L. (2017). Salmonella Typhi genomics: envisaging the future of typhoid eradication. In *Tropical Medicine and International Health* (Vol. 22, Issue 8, pp. 918–925). Blackwell Publishing Ltd. <https://doi.org/10.1111/tmi.12899>
- Zeng, H., De Reu, K., Gabriël, S., Mattheus, W., De Zutter, L., & Rasschaert, G. (2021). Salmonella prevalence and persistence in industrialized poultry slaughterhouses. *Poultry Science*, 100(4). <https://doi.org/10.1016/j.psj.2021.01.014>
- Zhao, X., Tang, X., Guo, N., An, Y., Chen, X., Shi, C., Wang, C., Li, Y., Li, S., Xu, H., Liu, M., Wang, Y., & Yu, L. (2018). Biochanin A Enhances the Defense Against Salmonella enterica Infection Through AMPK/ULK1/mTOR- Mediated Autophagy and Extracellular Traps and Reversing SPI-I-Dependent Macrophage (M₂) Polarization. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 8(SEP). <https://doi.org/10.3389/fcimb.2018.00318>