



UNIVERSIDAD PERUANA
CAYETANO HEREDIA

Facultad de
MEDICINA

FACTORES DE VIRULENCIA, RESISTENCIA ANTIMICROBIANA Y
FUENTES DE AISLAMIENTO DE *Salmonella enterica* serovar *Infantis* EN
HUMANOS, ANIMALES Y ALIMENTOS EN LATINOAMÉRICA: UNA
REVISIÓN DE ALCANCE

VIRULENCE FACTORS, ANTIMICROBIAL RESISTANCE, AND SOURCES
OF ISOLATION OF *Salmonella enterica* serovar *Infantis* IN HUMANS,
ANIMALS, AND FOOD IN LATIN AMERICA: A SCOPING REVIEW

TESIS PARA OPTAR POR EL TÍTULO PROFESIONAL DE LICENCIADO
EN TECNOLOGÍA MÉDICA EN LA ESPECIALIDAD DE LABORATORIO
CLÍNICO Y ANATOMÍA PATOLÓGICA

AUTORES

GUSTAVO ALONSO MORI RUBIO
DIANA SCARLET RUBINA UNANCHA

ASESOR

MARIBEL DENISE RIVEROS RAMIREZ

LIMA – PERÚ

2026

JURADO

Presidente: MG. ROCIO MARLENE ALIAGA NAVARRO

Vocal: DR. ARQUIMEDES MANSUETO GAVINO GUTIERREZ

Secretario: MG. DELIA MARGOT FAUSTINO ARIAS

Fecha de Sustentación: 14/04/2026

Calificación: aprobado

ASESOR DE TESIS

ASESOR

MG. BLGA. MARIBEL DENISE RIVEROS RAMIREZ

Departamento Académico de Tecnología Médica

ORCID: 0000-0002-5347-3261

DEDICATORIA

A Dios por darnos la fuerza de seguir cada día, en todo momento, sin caernos en el camino, a nuestros padres y hermanos por ser nuestro soporte y ayuda en todo momento con mucho cariño y amor.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a Dios, nuestras familias por ser nuestros guías en todo momento cuando realizamos esta tesis. Agradecemos a nuestra asesora Maribel Denise Riveros por ayudarnos en el proceso de desarrollo de esta tesis y motivarnos a seguir en cada paso que íbamos avanzando.

FUENTES DE FINANCIAMIENTO

Esta tesis no tuvo un financiamiento externo.

DECLARACIÓN DE CONFLICTO DE INTERÉS

Los autores declaran no tener conflictos de interés

DECLARACIÓN DE ORIGINALIDAD



UNIVERSIDAD PERUANA
CAYETANO HEREDIA

DECLARACIÓN DE ORIGINALIDAD

Los egresados:

N°	APELLIDOS Y NOMBRES
1.	MORI RUBIO GUSTAVO ALONSO
2.	RUBINA UNANCHA DIANA SCARLET

Pertencientes al programa de la **CARRERA PROFESIONAL DE TECNOLOGÍA MÉDICA EN LA ESPECIALIDAD DE LABORATORIO CLÍNICO Y ANATOMÍA PATOLÓGICA**, autores del trabajo titulado: **FACTORES DE VIRULENCIA, RESISTENCIA ANTIMICROBIANA Y FUENTES DE AISLAMIENTO DE Salmonella enterica serovar Infantis EN HUMANOS, ANIMALES Y ALIMENTOS EN LATINOAMÉRICA: UNA REVISIÓN DE ALCANCE** el cual ha sido elaborado, sustentado y aprobado, según corresponda, para optar por el **TÍTULO PROFESIONAL DE LICENCIADO EN TECNOLOGÍA MÉDICA EN LA ESPECIALIDAD DE LABORATORIO CLÍNICO Y ANATOMÍA PATOLÓGICA** bajo la modalidad de TESIS.

En calidad de docentes asesores de la Universidad Peruana Cayetano Heredia:

N°	APELLIDOS Y NOMBRES DEL DOCENTE	FACULTAD	NIVEL DE ASESORÍA
1.	RIVEROS RAMIREZ MARIBEL DENISE	MEDICINA	ASESOR

Declaramos que el contenido del presente documento es original y que las citas y referencias a otros autores cumplen con las normas académicas establecidas. En ese sentido, hacemos constar que:

- El documento presenta un porcentaje de similitud de **10 %**, según el reporte emitido por el software **Turnitin®** (identificador de entrega: **trn:oid:::1:3576632022**; fecha de entrega: **22-05-2026**).
- Tras una revisión detallada del reporte y del contenido del trabajo en cuestión, no se han identificado indicios de plagio.
- Se certifica que el documento respeta los principios de integridad académica y cumple con los requisitos institucionales de originalidad.

Lugar y fecha: **Lima, 22 de mayo de 2026**

Firma del asesor
N° DNI: 41568960
ORCID: 0000-0002-5347-3261



TABLA DE CONTENIDOS

Pág.

RESUMEN	
ABSTRACT	
I. INTRODUCCION.....	1
II. OBJETIVOS.....	6
III. MATERIALES Y METODOS.....	7
IV. RESULTADOS.....	13
V. DISCUSIÓN.....	24
VI. CONCLUSIONES	27
VII. LIMITACIONES.....	28
VIII. REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS.....	29
IX. TABLAS, GRÁFICOS Y FIGURAS.....	36
ANEXOS	

RESUMEN

Introducción: *Salmonella enterica* serovar Infantis (*S. Infantis*) es un importante agente zoonótico que se ha consolidado como una amenaza emergente para la salud pública. Su capacidad para infectar, junto con el incremento de cepas multirresistentes, agrava su impacto. No obstante, la información disponible en Latinoamérica aún es limitada. **Objetivo:** Mapear la evidencia existente sobre aislamientos de *S. Infantis* en humanos, animales y alimentos en Latinoamérica, describiendo sus factores de virulencia, perfiles de los genes de resistencia antimicrobiana y fuentes de aislamiento. **Materiales y métodos:** Se realizó una revisión de alcance según el Joanna Briggs Institute y PRISMA ScR. La búsqueda se efectuó en diversas bases de datos desde enero de 2014 hasta el 31 de octubre de 2025. **Resultados:** Se incluyeron 11 estudios de Brasil, Chile, Perú, Ecuador y Colombia, donde *S. Infantis* se identificó en humanos, animales y alimentos. Se reportó el linaje ST32 portador del megaplásmido pESI, factores de virulencia (*invA*, *agfA*, *mgtC*) asociados adhesión, invasión y supervivencia intracelular, junto con elementos móviles como plásmidos pESI-like e integrones, el gen de resistencia *bla*_{CTX-M-65} (BLEE) y. Mientras que la carne de pollo fue la fuente principal, evidenciándose una interconexión genómica entre reservorios bajo el enfoque Una sola Salud. **Conclusiones:** Existe evidencia que considera a *S. Infantis* como un patógeno relevante en Latinoamérica, la existencia de la diseminación del clon ST32 asociado al megaplásmido pESI portador de virulencia y resistencia, vinculando la producción avícola con infecciones humanas. **Palabras clave:** *Salmonella enterica* serovar Infantis, resistencia antimicrobiana, seguridad alimentaria, zoonosis, factores de virulencia.

ABSTRACT

Introduction: *Salmonella enterica* serovar Infantis (*S. Infantis*) is a significant zoonotic agent that has emerged as a major public health threat. Its infectious capacity, coupled with the increase in multidrug-resistant strains, exacerbates its impact. However, available information in Latin America remains limited.

Objective: To map the existing evidence regarding *S. Infantis* isolates in humans, animals, and food in Latin America, describing their virulence factors, antimicrobial resistance gene profiles, and isolation sources. **Materials and**

methods: A scoping review was conducted following the Joanna Briggs Institute and PRISMA-ScR guidelines. The search was performed across various databases from January 2014 to October 31, 2025. **Results:** Eleven studies from Brazil, Chile,

Peru, Ecuador, and Colombia were included, where *S. Infantis* was identified in humans, animals, and food. The ST32 lineage was reported carrying the pESI megaplasmid, virulence factors (*invA*, *agfA*, *mgtC*) associated with adhesion, invasion, and intracellular survival, along with mobile genetic elements such as pESI-like plasmids and integrons, and the blaCTX-M-65 (ESBL) resistance gene.

Poultry meat was the primary source, evidencing a genomic interconnection between reservoirs under the One Health approach. **Conclusions:** Evidence identifies *S. Infantis* as a relevant pathogen in Latin America, highlighting the dissemination of the ST32 clone associated with the pESI megaplasmid carrying both virulence and resistance, linking poultry production to human infections.

Keywords: *Salmonella enterica* serovar Infantis, antimicrobial resistance, food safety, zoonoses, virulence factors.

I. INTRODUCCIÓN

Anualmente, se estiman entre 200 millones y 1 billón de infecciones por *Salmonella enterica* en el mundo. De estas, cerca de 94 millones corresponden a gastroenteritis y se asocian con aproximadamente 155 000 muertes cada año. Esta bacteria presenta alrededor de 2600 serovariedades. Las no tifoideas son aquellas que no causan fiebre entérica en humanos, a diferencia de los serotipos Typhi, Paratyphi A, Paratyphi B, Paratyphi C y Sendai. Estas variantes destacan por su amplia presencia en animales y alimentos. En este contexto, la salmonelosis es una de las principales enfermedades transmitidas por alimentos y representa un importante problema de salud pública a nivel global (1,2,3). En los últimos años, *Salmonella enterica* serovar Infantis (*S. Infantis*) se ha caracterizado por su resistencia a los antimicrobianos, lo que la ha convertido en un factor importante de la salmonelosis en humanos (4). A diferencia de otras serovariedades, como Enteritidis y Typhimurium, *S. Infantis* se distingue por su capacidad para adquirir múltiples genes de resistencia, entre ellos *bla*_{CTX-M-65}, que codifica betalactamasas de espectro extendido (BLEE) y compromete la eficacia terapéutica de los diversos antibióticos. En Latinoamérica, se ha observado un aumento en la frecuencia de su aislamiento a nivel hospitalario, asociado a clones emergentes portadores de megaplásmidos como pESI, los cuales no solo confieren resistencia, sino también factores de virulencia y persistencia en el hospedador. Esta situación representa un desafío para la salud pública debido a su capacidad de diseminación entre humanos, animales y alimentos (5,6). Además, en Perú y Argentina, este serovar se ha detectado con alta frecuencia en pacientes pediátricos hospitalizados, evidenciando elevados niveles de resistencia a diversos antibióticos de uso común. Algunos estudios han

identificado relaciones entre clonas de cepas aisladas en distintas regiones, lo que sugiere problemas epidemiológicos y una capacidad de persistencia en hospitales (7,8).

En este contexto, la transmisión de esta bacteria zoonótica representa un problema para la seguridad alimentaria, ya que puede propagarse en aves de corral mediante transmisión vertical y horizontal. Además, animales como roedores, reptiles y aves silvestres pueden actuar como vectores dentro del entorno productivo. La contaminación de la carne de pollo y de los huevos es una fuente importante de infección en humanos, lo que ha impulsado el desarrollo de estrategias de control, como la vacunación y el uso de aditivos en la alimentación animal (9). Múltiples estudios realizados en distintas especies animales indican que *S. Infantis* ha sido detectada con frecuencia tanto en aves como en mamíferos, lo que demuestra su amplia distribución y capacidad zoonótica. En Turquía, se descubrió una alta prevalencia de genes de virulencia en distintas cepas aisladas de pollos y pavos, lo que resalta la importancia del ambiente como fuente de transmisión en las granjas. En Argentina, se observó la presencia de varios serovares de *Salmonella* en terneros de crianza artificial, asociados a signos clínicos como diarrea y presencia de moco en heces, lo que demostró su papel como agente entérico en animales. No obstante, en Ecuador se ha reportado una elevada proporción de muestras positivas tanto en granjas como en muestras humanas, lo que evidencia la circulación de esta bacteria a lo largo de la cadena alimentaria y resalta su potencial impacto en la salud pública (10,11,12). Por otro lado, se identificó que *S. Infantis* puede modificar a nivel estructural el intestino del pollo, alterando indicadores que evidencian su buen funcionamiento. Sin embargo, el uso de *Lactobacillus fermentum* demostró mejorar

estas condiciones intestinales y elevar los niveles de inmunoglobulina M (IgM) en aves infectadas, lo que sugiere un posible beneficio inmunológico frente a esta infección (13). A nivel global, *S. Infantis* es uno de los principales patógenos transmitidos por alimentos, causando millones de casos anuales. Dentro de sus serovariedades, *S. Infantis* ha sido reportada como uno de los serovares más frecuentemente aislados en diversas regiones, incluida América Latina. Este serovar se ha aislado en diversos alimentos, desde productos avícolas hasta mayonesa procesada, lo que evidencia su capacidad de persistencia. En Brasil, *S. Infantis* se detectó tanto en alimentos como en muestras clínicas humanas a lo largo de 25 años, con una alta similitud genética entre las cepas de ambos orígenes. Esta relación genotípica demostró la persistencia de un mismo linaje, que probablemente favoreció la contaminación de los productos alimentarios. A pesar de su impacto, las pruebas moleculares que se realizaron de este serovar en alimentos, siguen siendo limitadas. Este conjunto de características moleculares realza la necesidad de un control adecuado de la producción alimentaria para prevenir su transmisión a los consumidores (14,15,16).

Diversos estudios han demostrado que los métodos de aislamiento de *S. Infantis* son similares en muestras provenientes de humanos, animales y alimentos, incluyendo el uso de medios de enriquecimiento selectivo y cultivo en Agar Xilosa Lisina Desoxicolato (XLD) o Agar Entérico Hektoen (HE). Sin embargo, mediante técnicas de tipificación molecular como Pulsed-Field Gel Electrophoresis (PFGE) y secuenciación genómica, se ha identificado la presencia de linajes clonales compartidos entre estos tres orígenes, lo que sugiere una transmisión intersectorial a lo largo de la cadena alimentaria. Por ejemplo, en Hungría se detectó un clon

multirresistente común tanto en pollos de engorde como en carne lista para el consumo y en casos clínicos humanos, lo que refuerza la necesidad de enfoques integrados de vigilancia (17). Las fuentes de aislamiento corresponden a los distintos orígenes desde los cuales se obtuvieron las cepas de *S. Infantis*, incluyendo humanos, animales de producción, fauna silvestre y alimentos. El tipo de muestra hace referencia al material específico recolectado para el análisis microbiológico, como heces, sangre, orina, carne, productos cárnicos, huevos o tejidos animales lo que permitió identificar los reservorios del patógeno y comprender las vías de transmisión (18). Por otro lado, el aislamiento de *S. Infantis* suele iniciarse con un preenriquecimiento en caldo tamponado de peptona, seguido de un enriquecimiento selectivo en caldo Rappaport-Vassiliadis y cultivo en medios selectivos como agar XLD o agar entérico de Hektoen; las colonias típicas producen H₂S y presentan centros negros. La identificación se confirma mediante Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization Time-of-Flight Mass Spectrometry (MALDI-TOF MS), serotipificación con el esquema White-Kauffmann-Le Minor o Polymerase Chain Reaction (PCR) específica. Además, muchos aislamientos de *S. Infantis* muestran resistencia a múltiples antimicrobianos y están asociados con megaplásmidos como el plásmido emergente de *S. Infantis* (pESI), lo cual refuerza la necesidad de detectar y caracterizar estas cepas de forma precisa (19,20).

Si bien existen revisiones sistemáticas y metaanálisis que han evaluado la prevalencia de *S. Infantis* en pollos de engorde a nivel global, estos estudios se han limitado principalmente al ámbito productivo, sin abordar de manera integrada la situación en humanos, animales y alimentos en la región latinoamericana. En consecuencia, la evidencia disponible permanece fragmentada y no permite una

comprensión completa del problema. Ante ello, aplicar este enfoque a la revisión permitirá identificar sus factores de virulencia, perfiles de los genes de resistencia antimicrobiana y fuentes de aislamiento. De esta manera, el presente estudio busca cubrir una brecha en la literatura al mapear de forma sistemática la evidencia científica sobre *S. Infantis* en humanos, animales y alimentos en Latinoamérica, integrando información proveniente de los sectores clínico, veterinario y agroalimentario en un marco analítico común. El aporte de este trabajo radica en ofrecer la primera síntesis regional desde el enfoque “Una sola salud” (One Health), reconociendo la interconexión entre la salud humana, animal y alimentaria, y promover estrategias de vigilancia y control frente a amenazas como enfermedades zoonóticas y la resistencia antimicrobiana.

¿Qué evidencia existe en la literatura científica sobre factores de virulencia, perfiles de los genes de resistencia antimicrobiana y fuentes de aislamiento de *Salmonella enterica* serovar *Infantis* en humanos, animales y alimentos en Latinoamérica?

II. OBJETIVOS

2.1 Objetivo general:

Mapear la evidencia existente sobre aislamientos de *Salmonella enterica* serovar Infantis en humanos, animales y alimentos en Latinoamérica, describiendo sus factores de virulencia, perfiles de los genes de resistencia antimicrobiana y fuentes de aislamiento desde enero de 2014 hasta el 31 de octubre de 2025.

2.2 Objetivos Específicos:

1. Identificar los tipos de factores de virulencia reportados en aislamientos de *Salmonella enterica* serovar Infantis en humanos, animales y alimentos en Latinoamérica.
2. Describir los perfiles de los genes de resistencia antimicrobiana de *Salmonella enterica* serovar Infantis en humanos, animales y alimentos en Latinoamérica.
3. Identificar las fuentes de aislamiento de *Salmonella enterica* serovar Infantis según el tipo de muestra en humanos, animales y alimentos en Latinoamérica.
4. Describir las técnicas de laboratorio utilizadas para la detección de *Salmonella enterica* serovar Infantis en los estudios incluidos.
5. Sintetizar la procedencia, distribución geográfica y epidemiológica de los aislamientos de *Salmonella enterica* serovar Infantis en los países de Latinoamérica.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Diseño de estudio

Esta investigación corresponde a una revisión de alcance (scoping review) siguiendo la metodología del Joanna Briggs Institute (JBI), basado en el marco Población, Concepto y Contexto (PCC), para mapear de manera amplia y sistemática la literatura existente sobre *Salmonella enterica* serovar Infantis en humanos, animales y alimentos. Los resultados han sido reportados siguiendo la extensión Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses extension for Scoping Reviews (PRISMA ScR).

Dentro de los métodos empleados, se efectuó una búsqueda en siete bases de datos, de acuerdo a los criterios de inclusión y exclusión posteriormente establecidos. Se procedió a la estructuración y síntesis de los datos mediante un marco de charting, siguiendo la metodología propuesta por el Instituto Joanna Briggs (JBI). Los resultados fueron presentados de manera narrativa y representaciones visuales con el propósito de mostrar la evidencia encontrada. Todo el desarrollo del estudio se documentó conforme a las directrices PRISMA-ScR, garantizando así la transparencia y rigurosidad del proceso. El protocolo del estudio se aprobó el 29 de septiembre. Ese mismo día, se emitió la declaración del jefe de la unidad operativa y, finalmente, el comité de ética otorgó su aprobación el 2 de octubre, autorizando el desarrollo del estudio conforme a las normativas vigentes.

La recolección de documentos se realizó desde el 4 de julio de 2025, se evaluó por exhaustividad y se actualizó hasta el 31 de octubre de 2025, mediante una búsqueda sistemática y estructurada en siete bases de datos reconocidas por su rigor y

relevancia científica: PubMed, LILACS, Embase, ALICIA, Scopus, Semantic Scholar y Google Scholar. Para cada una, se diseñó y adaptó una estrategia de búsqueda específica según su sintaxis y descriptores controlados (MeSH), combinando términos libres y controlados relacionados con *Salmonella enterica* serovar Infantis, factores de virulencia, resistencia antimicrobiana y fuentes de aislamiento en humanos, animales y alimentos. En PubMed, la búsqueda se efectuó mediante términos MeSH y operadores booleanos (AND, OR, NOT), aplicando filtros de idioma (español e inglés) y período (2014-2025). En LILACS, se emplearon descriptores DeCS y términos equivalentes en español y portugués, priorizando estudios latinoamericanos. En Embase, se utilizó los términos TITLE-ABS-KEY para garantizar la inclusión de artículos indexados en medicina y microbiología. En la base ALICIA, se realizaron búsquedas con palabras clave simples en español, orientadas a identificar literatura científica y tesis latinoamericanas relevantes. En Scopus, la búsqueda avanzada se ejecutó mediante los campos TITLE-ABS-KEY, combinando los mismos términos clave y aplicando filtros de año, idioma y tipo de documento. En Semantic Scholar, se exploraron artículos recientes y literatura gris. Finalmente, en Google Scholar se realizaron búsquedas complementarias mediante frases exactas y operadores básicos. Los registros obtenidos de todas las bases fueron exportados en formato RIS o CSV, consolidados en un gestor bibliográfico (Zotero) y sometidos a un proceso de depuración para eliminar duplicados. Posteriormente, los títulos, resúmenes y textos completos fueron evaluados según los criterios de inclusión y exclusión establecidos, registrándose los motivos de exclusión.

3.2. Criterios de elegibilidad

3.2.1. Criterios de inclusión

Se contempló estudios primarios de diseño observacional (transversales, cohortes, casos y controles), experimentales (ensayos clínicos controlados) o descriptivos (series y reportes de casos) que reportaron aislamientos de *Salmonella enterica* serovar Infantis en humanos, animales de producción y alimentos. Se incluyó la literatura gris comprendida por tesis, informes técnicos, documentos institucionales y otros estudios, conforme a las recomendaciones del Joanna Briggs Institute para revisiones de alcance. Ensayos clínicos controlados, tanto aleatorizados como no aleatorizados, que aportaron evidencia sobre factores de virulencia, perfiles de los genes de resistencia antimicrobiana y fuentes de aislamiento de *S. Infantis* en humanos, animales y alimentos. Estudios de casos y series de casos que reportaron hallazgos clínicos o microbiológicos relevantes de *S. Infantis*. Las investigaciones incluidas se desarrollaron en ámbitos clínicos, agroalimentarios y veterinarios. En idioma español e inglés en un período de publicación desde enero de 2014 hasta el 31 de julio de 2025. Este rango se justifica por el incremento de estudios sobre *S. Infantis*, dada su creciente relevancia como patógeno zoonótico y multirresistente en la última década.

3.2.2. Criterios de exclusión

Se excluyeron editoriales, cartas al editor, comentarios, metaanálisis, revisiones narrativas sin metodología sistemática y protocolos de estudio sin resultados disponibles. No se consideraron estudios *in vitro* y aquellos basados en animales de experimentación de laboratorio o intervenciones preclínicas que no se relacionaron directamente con *S. Infantis* en humanos, animales de producción y alimentos.

Artículos que no abordaron específicamente a *S. Infantis*, o que se enfocaron en serovares distintos sin mención de *Infantis*. Se excluyeron aquellos estudios que no reportaron información sobre al menos uno de los siguientes aspectos de interés de la revisión: Factores de virulencia, perfiles de genes de resistencia antimicrobiana y fuentes de aislamiento.

3.3. Definición operacional de variables

La investigación estableció las siguientes definiciones de variables. Anexo 1

3.4. Estrategia de búsqueda de la revisión de alcance PCC:

En esta investigación, se utilizó el acrónimo PCC (Población, Concepto, Contexto) para estructurar adecuadamente la pregunta de investigación.

P (Población): *Salmonella enterica* serovar *Infantis* reportada en humanos, animales y alimentos.

C (Concepto): Factores de virulencia, perfiles de los genes de resistencia antimicrobiana y fuentes de aislamiento de *Salmonella enterica* serovar *Infantis*.

C (Contexto): Estudios realizados en distintos países de Latinoamérica.

3.5. Fuentes de información

La revisión de la literatura comprendió el período desde enero de 2014 hasta el 31 de julio de 2025, según los criterios de inclusión y elegido debido al incremento sostenido de la producción científica sobre *Salmonella enterica* serovar *Infantis* en la última década, así como a la disponibilidad de estudios sobre factores de

virulencia, perfiles de genes de resistencia antimicrobiana y fuentes de aislamiento. Adicionalmente, se realizó una búsqueda secundaria que incluyó la revisión manual de los estudios seleccionados y la búsqueda en literatura gris y repositorios académicos. Todos los registros identificados por esta vía fueron sometidos al mismo proceso de selección, elegibilidad y extracción de datos que los obtenidos en la búsqueda principal.

3.6. Selección de estudios

La selección de artículos fue realizada por dos investigadores (ALMR y DSRU) mediante una búsqueda sistemática en siete bases de datos: PubMed (108), Embase (30), Scopus (56), ALICIA (9), Semantic Scholar (111), Google Scholar (170) y LILACS (4), obteniéndose un total de 488 registros. Antes del cribado, se eliminaron 29 registros duplicados, sin exclusiones por automatización u otras razones. Posteriormente, se realizó una evaluación inicial de títulos, resúmenes y palabras clave, se cribaron 459 registros, de los cuales 380 fueron excluidos por no cumplir con los criterios de inclusión. En la fase de elegibilidad, se evaluaron 79 artículos a texto completo, excluyéndose 68 por tipo de publicación no elegible (n=5), contexto geográfico distinto a Latinoamérica (n=49) y objetivos no relacionados con el alcance de la revisión (n=14). Finalmente, se incluyeron 11 estudios que cumplieron con los criterios establecidos, aportando información relevante para responder a la pregunta de investigación. Este proceso se presenta mediante un diagrama de flujo PRISMA 2020, que describe las fases de identificación, cribado, elegibilidad e inclusión.

3.7. Extracción y análisis de datos:

La extracción de datos se realizó a partir de los artículos seleccionados utilizando una herramienta estructurada, diseñada específicamente para esta revisión, siguiendo las directrices del Instituto Joanna Briggs (JBI), con el fin de mapear la evidencia disponible y detectar vacíos en el conocimiento. Esta herramienta será elaborada en Microsoft Excel y validada mediante una prueba piloto para asegurar su claridad, coherencia y alineación con los objetivos de la revisión.

IV. RESULTADOS

4.1. Características generales de los artículos

Los estudios incluidos fueron publicados entre 2014 y 2025. Todos se desarrollaron en Latinoamérica, incluyendo a Brasil (n=3), Chile (n=3), Perú (n=2), Ecuador (n=2), Colombia (n=1). Todos los estudios cumplieron los objetivos específicos: factores de virulencia (n=5), perfiles de los genes de resistencia antimicrobiana (n=9), fuentes de aislamiento (n=11). En los 11 estudios se identificó principalmente cuatro tipos de diseño, todos de enfoque observacional y descriptivo: (5) estudios de caracterización genómica y epidemiología genómica, (3) estudios de caracterización fenotípica y genotípica, (2) estudios de prevalencia y vigilancia microbiológica y (1) estudio descriptivo de detección en reservorios animales específicos. En conjunto, estos estudios reflejan un enfoque integrado “Una sola Salud”, abarcando fuentes humanas, animales y alimentarias.

4.2. Factores de virulencia:

Los aislamientos de *S. Infantis* en humanos provenientes de un estudio de Ecuador presentaron 50% (3/6) de aislamientos, donde todas estas cepas portaban genes de virulencia altamente conservados asociados pESI (*sifA*, *sseL*, *pipB*, *sopD2*, *stfP*) asociadas a supervivencia intracelular e invasión, así como operones relacionados con adhesión y formación de biofilm (*lpf*, *fim* y *csg*) y del megaplásmido pESI-like (similar a F-219) que codifica para resistencia a múltiples antimicrobianos (incluyendo *bla_{CTX-M-65}*) (22). De manera similar, en Chile, predominó el clúster HC20_343 entre los aislamientos de *S. Infantis*, de los cuales el 83,3% (268/322) portaba el megaplásmido pESI, asociado a genes de virulencia como sistemas

toxina-antitoxina (*pemKI*, *vagB/C*, *ccdAB*), fimbrias K88 e Ipf, clúster de síntesis de yersiniabactina y sistema de transferencia conjugativa tipo IV (25).

En relación a los animales en Ecuador, se presentaron 54 (98.2%) (54/55) aislamientos, donde los factores de virulencia estaban asociados a la isla de patogenicidad SPI-2 (*sifA*, *sseL*, *pipB*, *sopD2*, *stfP*) que codifica para supervivencia intracelular e invasión del huésped y fimbrias (*lpf*, *fim*, *csg*) en todas las cepas analizadas (22). En Chile, un estudio demostró la presencia de un 86,3% (86/97) de aislamientos de origen animal de *S. Infantis* que pertenecían al clúster HC20_343, el cual portaba el megaplásmido pESI-like que codifica para sistemas toxina-antitoxina (*pemKI*, *vagB/C*, *ccdAB*), fimbrias de adhesión (K88 e Ipf), clúster de síntesis de yersiniabactina, clúster de resistencia al mercurio y sistema de transferencia conjugativa tipo IV (25). En otro estudio de Chile de 2020, todos los aislamientos de *S. Infantis* obtenidos de animales (pingüinos de Humboldt) portaban el megaplásmido tipo pESI (26). Estos hallazgos confirman que todas las aves constituyen el principal reservorio del serotipo (30).

En alimentos, un estudio realizado en Ecuador reportó que todos los aislamientos de *S. Infantis* obtenidos de canales de pollo albergaban los genes de la isla de patogenicidad SPI-2 (*sifA*, *sseL*, *pipB*, *sopD2*, *stfP*) relacionados con supervivencia intracelular, invasión y fimbrias (*lpf*, *fim*, *csg*) asociados a adhesión y formación de biopelículas (22). Mientras que un estudio en Chile, reportó que todos los aislamientos de *S. Infantis* provenientes de carne de pollo (N= 37) pertenecían al clúster HC20_343 y albergaba el megaplásmido pESI-like (25). Adicionalmente, en productos avícolas, todas las cepas aisladas fueron positivas para el gen *agfA* y

el 92,2% para *lpfA*, asociados a la adhesión celular y formación de biopelículas (28). Asimismo, en otro artículo de Chile se reportó que todas las cepas aisladas de carne de pollo presentaron los genes *invA*, *sipA*, *sipD*, *sopD*, *SEN1417*, *mgtC* y *pagK*, que codifican para proteínas involucradas en la invasión celular, supervivencia intracelular y formación de biopelículas (30). En conjunto, la evidencia demuestra una circulación de cepas con alto potencial patogénico a lo largo de la cadena alimentaria (Tabla 1).

4.3. Perfiles de los genes de resistencia antimicrobiana

En humanos, un estudio realizado en Perú, en cuanto al perfil de resistencia a antimicrobianos, todos los aislamientos por *S. Infantis* (N=18) presentaron resistencia antimicrobiana a ampicilina, ácido nalidíxico y ciprofloxacino, mientras que trimetoprima-sulfametoxazol alcanzó el 94.4% y cloranfenicol el 83.3%, así mismo, todos los aislamientos presentaron fenotipo de Betalactamasas de Espectro extendido (BLEE), codificado por el gen *bla_{CTX-M-65}* identificado mediante secuenciación genómica (21). En Ecuador, un estudio, presentó aislamientos con resistencia antimicrobiana a tetraciclina y aminoglucósidos, mientras que el gen de resistencia *bla_{CTX-M-65}* se detectó el (33.3%) de las cepas analizadas. Estos genes de resistencia se localizaron en un megaplásmido similar a pESI (22). En Brasil, los genes de resistencia antimicrobiana más frecuentes fueron *aac(6')-Iaa* (100%), *mdsA/mdsB* (95%), *bla_{TEM-1}* (42%), *dfrA8* (37%), *tet(A)* (32%) y *floR* (32%). En menor proporción se detectaron *bla_{CTX-M-8}* (16%), *bla_{CMY-2}* (5%) y *sul2* (5%). No se identificaron genes de resistencia adquirida a aminoglucósidos (*aadA12*, *aph(3'')-Ib*, *aph(6)-Id*) en los aislamientos de origen humano. Además, el 37% de

las cepas humanas presentó un perfil de multirresistencia fenotípica, definido como resistencia a tres o más clases de antimicrobianos. Las clases de antimicrobianos involucradas incluyeron β -lactámicos (penicilinas y cefalosporinas), tetraciclinas, anfenicoles (cloranfenicol), trimetoprima, sulfonamidas y aminoglucósidos (23). Otro estudio en Brasil, mostró un 100% de las cepas de *S. Infantis* aisladas de humanos presentaron genes de bombas de eflujo (*acrA*, *acrB*, *marA*, *soxR*) (24). En Chile, el 83,3% de los aislamientos de *S. Infantis* pertenecían al clúster HC20_343, con un perfil de resistencia que incluía la mutación *gyrA* (D87Y) al 99,7% otorgando resistencia a ciprofloxacino, el gen *bla*_{CTX-M-65} (BLEE) al 69,6% y un fenotipo multidrogorresistente (MDR) al 99,7%. Este fenotipo MDR se confirmó fenotípicamente mediante pruebas de concentración inhibitoria mínima (CMI), evidenciando resistencia efectiva a aminoglucósidos (gentamicina), cefalosporinas de tercera generación (cefotaxima), penicilinas (ampicilina) y sulfonamidas (trimetoprima/sulfametoxazol), así como resistencia intermedia a ciprofloxacino, según los lineamientos del CLSI (25).

En animales, un estudio realizado en Ecuador, mostró que el 100% de los aislamientos (granjas avícolas y canales de pollo) de *S. Infantis* presentaron el gen de resistencia *bla*_{CTX-M-65}, asociado a BLEE, y mostraron fenotipos MDR a antimicrobianos con un megaplásmido tipo pESI (22). En Brasil, el 100% de las cepas presentaron *aac*(6)-Iaa y *mdsA/B* que otorga resistencia a aminoglucósidos (como gentamicina, tobramicina y amikacina). El gen *bla*_{CTX-M-65-8} (cefalosporinasa de espectro extendido) fue el más frecuente con 57% y no se detectaron genes de resistencia a tetraciclina, anfenicoles ni trimetoprima (23). Asimismo, en otro estudio en Brasil del año 2022, el 100% de las cepas de *S. Infantis* aisladas de

animales (pollos y cerdos) en Brasil presentaron genes de bombas de eflujo de amplio espectro (*acrA*, *acrB*, *baeR*, *crp*, *emrB*, *emrR*, *hns*, *kdpE*, *kpnF*, *marA*, *marR*, *mdtK*, *msbA*, *rsmA*, *sdiA*, *soxR* y *soxS*), así como los genes de tolerancia a arsénico (*arsR*) y oro (*golS/golT*). El 85.7% de las cepas también portaban el gen *tet(A)* asociado a resistencia a tetraciclinas (24). En Chile, el 86,3% de los aislamientos de *S. Infantis* (aves de corral, perros y animales silvestres) pertenecían al clúster HC20_343, caracterizado con un perfil MDR en el 99,7% (resistencia confirmada a gentamicina, cefotaxima, ampicilina y trimetoprima/sulfametoxazol), mutación *gyrA* (D87Y) en el 99,7% (asociada a resistencia intermedia a ciprofloxacino) y el gen BLEE *bla_{CTX-M-65}* en el 69,6% de los casos (25). En otro estudio realizado en Chile en 2024, los pingüinos de Humboldt mostraron un perfil de resistencia antimicrobiana del 100 % asociado al megaplásmido tipo pESI, que incluía genes de resistencia a múltiples familias de antibióticos como β -lactámicos (*bla_{CTX-M-65}* y *bla_{TEM-1B}*), aminoglucósidos (*aac(6')-Iaa*, *aadA1*, *aph(4)-Ia*, *aac(3)-IV*, *aph(3'')-Ib*, *aph(6)-Id*), tetraciclinas (*tet(A)*), sulfonamidas (*sul1*), trimetoprima (*dfpA1*), fenicoles (*floR*, *cmlA1*) y fosfomicina (*fosA3*) (26). En Colombia, el 100% de estas 16 cepas (cama de pollo) presentaron el gen de resistencia *bla_{CTX-M-F}*, asociado a β -lactamasas de espectro extendido (BLEE). Este gen confirió resistencia fenotípica a cefotaxima, ceftiofur y penicilina (27). En Brasil, las cepas de *S. Infantis* aisladas (pollos de engorde), el 35,3% presentó resistencia a amoxicilina (28). Entre estas, el 55,5% portaba el gen *bla AmpC*, el 27,8% *bla_{CTX-M}* y el 11,1% *bla_{SHV}*. En Perú, el 93,9% presentó multiresistencia donde el 100 % de cepas mostró resistencia a ácido nalidíxico, 94 % a tetraciclina y 76 % a amoxicilina. (29).

En alimentos, un estudio realizado en Ecuador, mostró que la gran mayoría de los aislamientos (canales de pollo) de *S. Infantis*, específicamente entre el 97% y el 100%, portaban el gen *bla*_{CTX-M-65}, que confiere resistencia a BLEE. Además, mostraron fenotipos de multirresistencia a nitrofurantoína alcanzó el 99.4%, a tetraciclina el 97.2%, a gentamicina el 85.6% y a cefotaxima el 82.9%. (22). Además, en Brazil se detectaron los genes de resistencia *aac(6')-Iaa* y *mdsA/mdsB* en el 100% de las cepas, mientras que *bla*_{CTX-M-8-} estuvo presente en el 57% y *bla*_{CMY-2} en el 29%, sin evidencia de genes como *bla*_{TEM-1}, *tet(A)*, *floR* ni *dfrA8* (23). En otro estudio en Brasil del año 2022, el 100% de las cepas de *S. Infantis* aisladas de alimentos presentaron genes de bombas de eflujo (*acrA*, *acrB*, *marA*, *soxR*) (24). En Chile, el 100% de los aislamientos de *S. Infantis* obtenidos de alimentos (carne de pollo y piensos (alimento balanceado para animales)) pertenecían al clúster HC20_343, caracterizado por un perfil MDR en el 99,7% (resistencia confirmada a gentamicina, cefotaxima, ampicilina y trimetoprima/sulfametoxazol), mutación *gyrA* (D87Y) en el 99,7% (resistencia intermedia a ciprofloxacino) y el gen BLEE *bla*_{CTX-M-65} en el 69,6% de los casos (25). En Brasil, del total de cepas aisladas (canales, cortes de pollo, CSM), el 35,3% presentó resistencia a amoxicilina, de las cuales el 55,5% portaba el gen *bla*_{AmpC}, el 27,8% el *bla*_{CTX-M} y el 11,1% el *bla*_{SHV}, sin detectarse el gen *bla*_{TEM} ni perfiles de multirresistencia (28). Por último, en Chile, el 94% de las cepas (carne de pollo) de *Salmonella Infantis* fueron MDR, destacando la presencia del gen *bla*_{CTX-M-65} en el 23.6% de las cepas BLEE y del gen *qnrB* en el 7% de las cepas resistentes a fluoroquinolonas (30) (Tabla 2).

4.4. Fuentes de aislamiento

Las fuentes de aislamiento de *S. Infantis* en humanos incluyeron heces, sangre y orina de personas con diarrea, vómitos o infecciones graves, según estudios realizados en Ecuador, Brasil, Perú y Chile (22, 23, 25, 28, 29).

En animales, se han aislado heces de pollos y cerdos, de órganos reproductivos de aves, del contenido del buche, del hígado de aves vivas e incluso de perros (23, 25, 26, 29).

En alimentos, *S. Infantis* se ha identificado sobre todo en carne de pollo (como en la piel de la pechuga y cortes frescos), pero también en cerdo, res, pavo, cordero, pescado, mayonesa, pasta con jamón, salchichas mixtas y harinas para alimentación animal (22, 23, 24, 25, 29, 30, 31).

4.5. Técnicas de laboratorio

La forma en que se vigila a *S. Infantis* en humanos en Latinoamérica comienza en el laboratorio. Usando técnicas microbiológicas clásicas para aislar la bacteria de muestras clínicas, luego se aplican pruebas bioquímicas y se confirma mediante una técnica molecular llamada Reacción en cadenas de la polimerasa (PCR), que detecta un gen específico (*invA*). Mientras que la tipificación molecular mediante la electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE) ha sido muy útil para establecer vínculos entre casos, por ejemplo, para conectar cepas de pacientes y productos avícolas al comparar sus patrones de bandas. En la actualidad y gracias a la introducción de la genómica, el estándar más preciso actualmente es la secuenciación completa del genoma, conocida por sus siglas en inglés como Whole Genome Sequencing (WGS), junto con herramientas bioinformáticas como AMRFinderPlus y ABRicate. Gracias a estas técnicas avanzadas, se ha podido

estudiar en detalle las cepas humanas, y se ha descubierto que predomina un linaje llamado ST32, donde un gen de resistencia llamado *bla*_{CTX-M-65} está presente, y también un megaplásmido conocido como pESI-like. Además, los análisis filogenéticos como el cgMLST (core genome MultiLocus Sequence Typing), o tipificación de secuencias multilocus basada en el genoma completo han mostrado que estas cepas humanas se agrupan en los mismos clústeres (HC20_343) que las cepas encontradas en animales y alimentos (21, 22, 23, 24, 25). Para la detección de *S. Infantis* en animales se evidencio que los protocolos de los estudios incluían el aislamiento microbiológico clásico utilizando medios de cultivo selectivos (XLD, SS, MacConkey), seguido de pruebas bioquímicas y la confirmación molecular mediante PCR dirigida a los genes específicos *invA* (marcador del género *Salmonella*) y *fljB* (marcador del serovar *Infantis*). Estos métodos convencionales permitieron documentar la circulación del serovar en granjas avícolas a partir de muestras de cama de pollo, aves vivas y canales. Posteriormente, se aplicaron técnicas genómicas avanzadas que incluyeron la secuenciación completa del genoma (WGS) con ensamblaje mediante la herramienta SKESA, seguida de análisis filogenéticos como cgMLST y análisis de polimorfismos de nucleótido único (SNP). Estas metodologías revelaron que cepas aisladas de pollos, cerdos e incluso de aves silvestres como los pingüinos de Humboldt portaban los mismos determinantes críticos de resistencia (*bla*_{CTX-M-65}) y virulencia (pESI-like). Además, todos los aislamientos animales se integran en el mismo secuenciotipo (ST32) (22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29).

En alimentos, la técnica de aislamientos se basó en métodos estandarizados de aislamiento (normas ISO 6579), serotipificación y pruebas de susceptibilidad

antimicrobiana por difusión en disco. La caracterización molecular mediante PCR permitió identificar genes de virulencia (*agfA*, *lpfA*, *sefA*) y de resistencia (*bla*_{CTX-M-65}, *qnrB*, *tetA*). Técnicas como RAPD-PCR permitieron evaluar diversidad genética y persistencia de clones en la cadena productiva. Sin embargo, la evidencia más robusta del papel de los alimentos como vehículo de transmisión a humanos proviene de la WGS. Estudios en Brasil, Chile, Ecuador y Perú, utilizando tipificación de alta resolución (cgMLST/MLST) y análisis de SNP, demostraron de manera concluyente, los aislamientos de alimentos (carne de pollo, cerdo y res) presentan clústeres filogenéticos (HC20_343) y perfiles de resistencia (incluyendo el plásmido pESI-like), lo cual fue determinado mediante secuenciación del genoma completo (WGS), análisis de polimorfismos de nucleótido único (SNPs), tipificación por MLST, y detección molecular del plásmido pESI-like por PCR o hibridación (22, 23, 24, 28, 29, 30, 31). (Tabla 4)

4.6. Distribución geográfica

Los estudios incluidos reportaron una prevalencia de *Salmonella enterica* serovar Infantis según muestras provenientes de humanos, este serovar mostró un incremento sostenido en varios países latinoamericanos. En países como Lima, Perú, representó el 36% (18/50) de casos de aislamientos clínicos entre 2015 y 2017, desplazando a otros serovares (21). En Ecuador, aunque la prevalencia general de *Salmonella* en muestras humanas fue de 1.98% (6/302), de estos aislamientos el 50% (3/6) correspondió a *S. Infantis* (22). En Brasil, este serovar constituyó el 23.75% (19/80) de los aislamientos humanos (23) y estudios genómicos confirmaron su presencia en el 23.75% (19/80) de cepas provenientes de casos clínicos (24). En Chile, entre 2009 y 2022, los aislamientos humanos

representaron el 2.7% (12/440) del total analizado (25). Su papel como agente etiológico relevante también ha sido confirmado en estudios donde figura entre los serovares más aislados en humanos (28). En otro estudio chileno de 2020, durante 2012-2016, la prevalencia fue del 1.3% (145/11,181) de las cepas clínicas (30).

En animales, especialmente en aves de corral, *S. Infantis* se ha consolidado como reservorio fundamental con una coincidencia del 100% entre cepas aisladas de pollos y de humanos infectados (21). En Ecuador, fue de 98.2% (54/55) en granjas y 97.8% (182/186) en canales de pollo (22). En Brasil, este serovar representó el 8.75% (7/80) de los aislamientos animales (23) y 8.75% (7/80) en estudios genómicos que incluyeron aves y cerdos (24). En Chile, entre 2009 y 2022, los aislamientos de *Salmonella* *Infantis* de origen animal representaron el 22% (97/440) del total de cepas analizadas. Dentro de este grupo, las aves de corral fueron la principal fuente animal, constituyendo el 61,9% (60/97) de los aislamientos animales, lo que equivale al 13,6% (60/440) del total general de aislamientos (25), mientras que en la vida silvestre de los animales muestreados (pingüinos de Humboldt), *S. Infantis* corresponde a un 75% (3/4). A nivel regional, también se documentó brotes asociados al consumo de pollo contaminado (26). En Brasil se ha informado un 27.27% (51/187) de prevalencia en una cadena productiva avícola (28). En Perú, la prevalencia alcanzó el 10.1% (27/267) en aves vivas, 4.7% (4/86) en cama y 8% (2/35) en canales de pollo (29), pero en Ecuador se reportó prevalencias del 83.9% de *S. Infantis* (84/100) en pollos de engorde en mataderos y del 34.6% (35/100) en granjas avícolas industrializadas (31).

Los alimentos, en particular la carne de pollo, son el vehículo crítico que conecta el reservorio animal con la población humana. En Ecuador, la prevalencia de *S. Infantis* en productos avícolas es del 80.8% (35/43) en 2015 y 81.2% (97/120) en 2016 en carnes comercializadas, alcanzando niveles como el 94.3% (63/67) en carne (31) y el 97.8% en canales de pollo (22). Investigaciones en Brasil fueron de 33.75% (27/80) de origen alimentario como carne de pollo y cerdo (23, 24), Chile con 24% (87/361) de carne de pollo (30) y Perú con 8% (2/25) en canales de pollo (29). Esta alta contaminación, unida a la frecuente asociación de estas cepas alimentarias con genes de resistencia a antibióticos (como *bla*_{CTX-M-65}), convierte a los productos avícolas en el principal puente para la diseminación de este patógeno multirresistente hacia los humanos (21, 25) (Figura 2).

V. DISCUSIÓN

La revisión de los factores de virulencia muestra una elevada conservación genómica de *S. Infantis* en humanos, animales y alimentos, lo que evidencia su alto potencial patogénico en toda la región. El hallazgo constante de genes de la isla SPI-2 y operones de adhesión (como *fim* y *csg*) en todos los aislamientos de varias muestras analizadas sugiere que la bacteria posee una capacidad superior para sobrevivir dentro de las células y formar biopelículas (22, 28, 30). Un elemento central, es el megaplásmido pESI (o tipo F-219), detectado con alta frecuencia tanto en humanos como en aves y fauna silvestre (22, 25, 26). El predominio de los aislamientos pertenece al clúster HC20_343, lo que sugiere la existencia de una circulación clonal de cepas patogénicas a lo largo de la cadena alimentaria. En definitiva, estos resultados demuestran que las aves de corral no solo podrían ser el principal reservorio (30), sino que podrían actuar como la fuente de un linaje que ha unificado sus mecanismos de ataque para colonizar exitosamente distintos hospedadores en Latinoamérica.

La revisión de los perfiles de genes de resistencia antimicrobiana revela que *S. Infantis* ha consolidado un fenotipo multirresistente (MDR) alarmante en Latinoamérica, con el gen *bla*_{CTX-M-65} como el principal responsable de la resistencia a cefalosporinas de tercera generación en humanos, animales y alimentos (21, 22, 25, 26). Este predominio de cepas BLEE, sumado a la resistencia hacia fármacos de uso común como ampicilina, tetraciclina y quinolonas (*gyrA*), demuestra una presión selectiva constante (21, 25, 29). La localización de estos genes de resistencia en el megaplásmido pESI, junto con mecanismos de tolerancia a metales pesados (oro y arsénico) y bombas de eflujo, otorga a este serovar una

capacidad de supervivencia superior frente a diversos agentes en la cadena productiva (22, 24). Es preocupante notar que los mismos perfiles MDR encontrados en la producción avícola y en la carne de pollo se repiten en aislamientos clínicos humanos, lo que sugiere que el consumo de alimentos contaminados es el puente directo para la transmisión de clones resistentes (25, 30). Por lo tanto, resulta importante considerar la amplia distribución del linaje ST32 con estas características genéticas, lo cual podría limitar severamente las opciones de tratamiento, convirtiendo a *S. Infantis* en una de las mayores amenazas para la salud pública en la región (21, 22).

La diversidad de fuentes de aislamiento confirma que *S. Infantis* es un patógeno con buena capacidad de adaptación. El hallazgo de la bacteria no solo en muestras clínicas humanas (22, 23, 29), sino también en múltiples órganos de aves vivas y animales (25, 26), demuestra que el reservorio animal es mucho más complejo. Es particularmente relevante que la bacteria se encuentre en productos tan variados como pescados, harinas animales y alimentos procesados (24, 30, 31). Esta amplia presencia en la cadena alimentaria, liderada por la carne de pollo, sugiere que los métodos de control actuales son insuficientes para contener la dispersión del patógeno. En conjunto, estos resultados muestran que el riesgo de infección para el humano podría no solo provenir del contacto directo con animales de granja, sino de una red de contaminación cruzada y persistencia ambiental que abarca gran parte de la canasta básica familiar en Latinoamérica (25, 29). La evolución de las técnicas de laboratorio en Latinoamérica ha permitido pasar de una detección básica a una comprensión profunda de la epidemiología de *S. Infantis*. Mientras que las técnicas microbiológicas clásicas y la PCR (genes *invA* y *fljB*)

siguen siendo fundamentales para el aislamiento y la identificación primaria (22, 29), la incorporación de la secuenciación de genoma completo (WGS) ha marcado un antes y un después en la vigilancia regional (21, 25). Gracias a herramientas de alta resolución como el cgMLST y el análisis de SNP, se ha podido confirmar que las cepas encontradas en humanos, animales y alimentos no solo son similares, sino que pertenecen al mismo linaje clonal ST32 y al clúster filogenético HC20_343 (24, 25, 28). Este nivel de precisión muestra que *S. Infantis* circula entre los tres reservorios, compartiendo el megaplásmido pESI-like y el gen de resistencia *bla_{CTX-M-65}* (22, 23). En definitiva, la transición hacia la genómica permite validar el enfoque de Una Salud, evidenciando que los aislamientos de la cadena alimentaria son indistinguibles de los que causan infecciones en humanos (30, 31). La evidencia analizada revela que *S. Infantis* se ha consolidado como un patógeno predominante en Latinoamérica. Los datos de prevalencia acumulados en humanos y animales evidencian un patrón de expansión sostenida estrechamente vinculado al sector avícola, el cual opera como el reservorio principal en países como Ecuador, Perú, Chile y Colombia (21, 22, 27, 29). Asimismo, la detección de este patógeno en carnes comercializadas y fauna silvestre en diversas áreas geográficas ratifica que su presencia no es un evento aislado, sino un problema sistémico de la cadena productiva regional (25, 26, 28). Estos hallazgos demuestran que la alta carga de *S. Infantis* en productos de consumo masivo funciona como el puente crítico para la transmisión de linajes multirresistentes, lo que respalda la necesidad de una vigilancia epidemiológica integrada en toda la región bajo el enfoque de Una sola Salud (30, 31).

VI. CONCLUSIONES

Salmonella enterica serovar Infantis en Latinoamérica presentó perfiles de virulencia en humanos, animales y alimentos, frecuentemente vinculados al megaplásmido pESI-like.

Los aislamientos de *Salmonella* presentaron perfiles que combinan genes de adhesión, invasión y supervivencia intracelular, junto con elementos móviles como plásmidos pESI-like e integrones, lo que indica un elevado potencial de virulencia y adaptación.

Los perfiles de genes de resistencia que presenta *S. Infantis* es el gen *bla*_{CTX-M-65}, el cual confiere resistencia a cefalosporinas de tercera generación, utilizadas en el ámbito hospitalario. La resistencia a otros antimicrobianos, como tetraciclinas y quinolonas, junto con la tolerancia a metales, sugiere una elevada capacidad de adaptación, lo que limita las opciones de tratamiento en infecciones graves.

Las fuentes de aislamiento de *S. Infantis* presentaron un carácter zoonótico y una circulación activa a lo largo de toda la cadena alimentaria.

La integración de métodos convencionales con herramientas genómicas avanzadas, como WGS y cgMLST, permitió identificar linajes clonales como ST32 y clústeres compartidos entre humanos, animales y alimentos.

En la distribución geográfica *S. Infantis* muestra una expansión heterogénea en Latinoamérica, con alta prevalencia en aves de corral y alimentos, y una creciente relevancia en infecciones humanas.

VII. LIMITACIONES

La revisión presentó algunas limitaciones que es importante reconocer. En primer lugar, la estrategia de búsqueda, al restringirse a los idiomas inglés y español, pudo haber excluido estudios relevantes publicados en portugués u otros idiomas de la región. El uso de motores de búsqueda en fuentes de literatura gris, si bien amplió el alcance, introdujo una mayor heterogeneidad y menor control sobre la calidad de la indexación de los registros. La principal limitación analítica derivó de la heterogeneidad sustancial entre los 11 estudios incluidos, los cuales variaron considerablemente en su diseño, tamaño muestral y técnicas de laboratorio. Además, la distribución geográfica de los estudios no fue uniforme, con una sobrerrepresentación de países como Brasil y Chile, lo que pudo ofrecer una visión parcial de la situación en Latinoamérica y dejar brechas de conocimiento para otras naciones. Finalmente, aunque los hallazgos apuntaron de manera consistente a la cadena avícola, es posible que el enfoque de la revisión haya priorizado esta ruta de transmisión, dejando otras dinámicas potenciales menos exploradas.

VIII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Lamichhane B, Mawad AMM, Saleh M, Kelley WG, Harrington PJ 2nd, Lovestad CW, et al. Salmonellosis: An overview of epidemiology, pathogenesis, and innovative approaches to mitigate the antimicrobial resistant infections. *Antibiotics (Basel)*. 2024;13(1):76. doi:10.3390/antibiotics13010076. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2079-6382/13/1/76>
2. Cheng RA, Eade CR, Wiedmann M. Embracing diversity: differences in virulence mechanisms, disease severity, and host adaptations contribute to the success of nontyphoidal *Salmonella* as a foodborne pathogen. *Front Microbiol*. 2019;10:1368. doi:10.3389/fmicb.2019.01368. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2019.01368>
3. Kipper D, Mascitti AK, De Carli S, Carneiro AM, Streck AF, Fonseca ASK, et al. Emergence, dissemination and antimicrobial resistance of the main poultry-associated *Salmonella* serovars in Brazil. *Pathogens*. 2022;11(8):889. doi:10.3390/pathogens11080889. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2076-0817/11/8/889>
4. Alvarez DM, Barrón-Montenegro R, Conejeros J, Rivera D, Undurraga EA, Moreno-Switt AI. A review of the global emergence of multidrug-resistant *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Infantis. *Front Public Health*. 2023;11:1182913. doi:10.3389/fpubh.2023.1182913. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpubh.2023.1182913>
5. Quino W, Hurtado CV, Escalante-Maldonado O, Flores-León D, Mestanza O, Vences-Rosales F, et al. Multidrogoresistencia de *Salmonella* Infantis en Perú: un

estudio mediante secuenciamiento de nueva generación. Rev Investig Salud. 2024;36(1):e06. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <http://www.scielo.org.pe/pdf/rins/v36n1/a06v36n1.pdf>

6. Tyson GH, Li C, Harrison LB, Martin G, Hsu CH, Tate H, et al. A multidrug-resistant *Salmonella* Infantis clone is spreading and recombining in the United States. Microb Genom. 2021;7(1):000474. doi:10.1099/mgen.0.000474. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/mgen/10.1099/mgen.0.000474>

7. Granda A, Riveros M, Martínez-Puchol S, Ocampo K, Laureano-Adame L, Corujo A, et al. Presence of extended-spectrum β -lactamase, CTX-M-65 in *Salmonella enterica* serovar Infantis isolated from children with diarrhea in Lima, Peru. Eur J Pediatr Surg Rep. 2019;7(1):e30–e33. doi:10.1055/s-0039-1685502. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://www.thieme-connect.de/products/ejournals/html/10.1055/s-0039-1685502>

8. Merino LA, Ronconi MC, Navia MM, Ruiz J, Sierra JM, Cech NB, et al. Analysis of the clonal relationship among clinical isolates of *Salmonella enterica* serovar Infantis by different typing methods. Rev Inst Med Trop Sao Paulo. 2006;48(3):133–6. doi:10.1590/S0036-46652006000300004. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://www.scielo.br/j/rimtsp/a/G4kb9hr8r7bjRf6wdrK7j7D>

9. Shaji S, Selvaraj RK, Shanmugasundaram R. *Salmonella* infection in poultry: a review on the pathogen and control strategies. Microorganisms. 2023;11(11):2847.

doi:10.3390/microorganisms11112847. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en:
<https://www.mdpi.com/2076-2607/11/11/2847>

10. Sever NK, Akan M. Molecular analysis of virulence genes of *Salmonella* Infantis isolated from chickens and turkeys. *Microb Pathog.* 2019;126:199–204. doi:10.1016/j.micpath.2018.11.006. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0882401018305817>

11. Bilbao GN, Malena R, Passucci JA, Pinto de Almeida Castro AM, Paolicchi F, Soto P, et al. Detección de serovares de *Salmonella* en terneros de crianza artificial de la región lechera Mar y Sierras, Argentina. *Rev Med Vet.* 2018;99(1):28–35. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en:
<https://revistas.bv.unicamp.br/index.php/rmv/article/view/3652>

12. Calero-Cáceres W, Villacís J, Ishida M, Burnett E, Vinueza-Burgos C. Whole-Genome Sequencing of *Salmonella enterica* serovar Infantis and Kentucky isolates obtained from layer poultry farms in Ecuador. *Microbiol Resour Announc.* 2020;9(13):e00091-20. doi:10.1128/MRA.00091-20.[citado el 24 sep 2025]. Disponible en:
https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32217676/?utm_source=chatgpt.com

13. Šefcová MA, Ortega-Paredes D, Larrea-Álvarez CM, Mina I, Guapás V, Ayala-Velasteguí D, et al. Effects of *Lactobacillus fermentum* administration on intestinal morphometry and antibody serum levels in *Salmonella* Infantis-challenged chickens. *Microorganisms.* 2023;11(2):256. doi:10.3390/microorganisms11020256. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en:
<https://www.mdpi.com/2076-2607/11/2/256>

14. Almeida F, Pitondo-Silva A, Oliveira MA, Falcão JP. Molecular epidemiology and virulence markers of *Salmonella* Infantis isolated over 25 years in São Paulo State, Brazil. *Infect Genet Evol.* 2013;19:145–51. doi:10.1016/j.meegid.2013.07.004. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1567134813002228>
15. Vinueza-Burgos C, Hidalgo-Arellano L, Gómez-Coronado C, Medina-Santana JL, Cevallos-Almeida M. Prevalence, serovars, and risk factors associated with the presence of *Salmonella* in pork sold in public markets in Quito, Ecuador. *F1000Research.* 2024;12:1367. doi: 10.12688/f1000research.138671.3 Disponible en: <https://f1000research.com/articles/12-1367/pdf>
16. Alzahrani KO, Al-Reshoodi FM, Alshdokhi EA, Alhamed AS, Al Hadlaq MA, Mujallad MI, et al. Antimicrobial resistance and genomic characterization of *Salmonella enterica* isolates from chicken meat. *Front Microbiol.* 2023;14:1104164. doi:10.3389/fmicb.2023.1104164. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2023.1104164>
17. Nógrády N, Tóth Á, Kostyák A, Pászti J, Nagy B. Prevalence and characterization of *Salmonella* Infantis isolates originating from different points of the broiler chicken–human food chain in Hungary. *Int J Food Microbiol.* 2008;127(3):221–5. doi:10.1016/j.ijfoodmicro.2008.07.010. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0168160508002923>
18. Montone AMI, Cutarelli A, Peruzzy MF, La Tela I, Brunetti R, Pirofalo MG, et al. Antimicrobial resistance and genomic characterization of *Salmonella Infantis*

from different sources. *Microorganisms*. 2023;11(3):684. doi:10.3390/microorganisms11030684.

19. Seo H, Kim H, Kim Y, Kim J, Ha J, Kim H, et al. Molecular characteristics of *Salmonella enterica* subspecies enterica serovar Infantis isolated from chicken meat in South Korea. *Heliyon*. 2024;10(7):e13155. doi:10.1016/j.heliyon.2024.e13155. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2405844024021496>

20. Gyomai P, Kiil K, Torpdahl M, Østerlund MT, Sørensen G, Olsen JE, et al. WGS-based study of the population structure of *Salmonella enterica* serovar Infantis. *BMC Genomics*. 2019;20(1):870. doi:10.1186/s12864-019-6260-6. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en: <https://bmcbgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-019-6260-6>

21. Garcia C, Hinostroza N, Astocondor L, Ochoa T, Jacobs J, et al. Characterization of ESBL-Producing *Salmonella enterica* serovar Infantis Infection in Humans, Lima, Peru. *Am J Trop Med Hyg*. 2019;101(4):746-748. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31392950/>

22. Mejía L, Medina JL, Bayas R, Salazar CS, Villavicencio F, Zapata S, et al. Genomic Epidemiology of *Salmonella* Infantis in Ecuador: From Poultry Farms to Human Infections. *Front Vet Sci*. 2020;7:547891. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33134346/>

23. Vilela FP, Rodrigues DP, Allard MW, Falcão JP. Genomic characterization and antimicrobial resistance profiles of *Salmonella enterica* serovar Infantis isolated from food, humans and veterinary-related sources in Brazil. *J Appl Microbiol*.

2022;132(4):3327-3342. Disponible en:
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34958707/>

24. Vilela FP, Rodrigues DP, Allard MW, Falcão JP. Prevalence of efflux pump and heavy metal tolerance encoding genes among *Salmonella enterica* serovar *Infantis* strains from diverse sources in Brazil. *PLoS One*. 2022;17(11):e0277979. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36413564/>

25. Piña-Iturbe A, Díaz-Gavidia C, Álvarez FP, Barron-Montenegro R, Álvarez-Espejo DM, García P, et al. Genomic characterisation of the population structure and antibiotic resistance of *Salmonella enterica* serovar *Infantis* in Chile, 2009-2022. *Lancet Reg Health Am*. 2024;32:100711. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38495315/>

26. Wiederkehr CM, Alvarez J, Torre-Fuentes L, Crespo-Lopez OI, Calfucura P, Ugarte-Ruiz M, et al. *Salmonella* in Coastal Birds in Chile: Detection of a Multidrug-Resistant *S. Infantis* Bearing the *bla*CTX-M-65 Gene in a pESI-Like Megaplasmid in Humboldt Penguins. *Transbound Emerg Dis*. 2024;2024:1949535. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40303178/>

27. Bonilla-Caballero MA, Lozano-Puentes MP, Ospina MA, Varón-López M. First report of multidrug-resistant *Salmonella* *Infantis* in broiler litter in Tolima, Colombia. *Vet World*. 2022;15(6):1557-1565. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35993060/>

28. Mendonça EP, Melo RT, Oliveira MRM, Monteiro GP, Peres PABM, Fonseca BB, et al. Characteristics of virulence, resistance and genetic diversity of strains of *Salmonella* *Infantis* isolated from broiler chicken in Brazil. *Pesq Vet Bras*.

2020;40(1):29-38. Disponible en:

<https://www.scielo.br/j/pvb/a/C9njNGkVYRx9kx3ZdhqGShv/?lang=en>

29. Davalos S, Santa-Cruz M, Condori R, Rodriguez J, Lucas JR. Multiple antibiotic resistance of *Salmonella* Infantis in the Peruvian poultry production chain: Detection in birds, the farming environment, and chicken carcasses. *Prev Vet Med.* 2025;234:106364. Disponible en:

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39510009/>

30. Lapierre L, Cornejo J, Zavala S, Galarce N, Sánchez F, Benavides MB, et al. Phenotypic and Genotypic Characterization of Virulence Factors and Susceptibility to Antibiotics in *Salmonella* Infantis Strains Isolated from Chicken Meat: First Findings in Chile. *Animals (Basel).* 2020;10(6):1049. Disponible en:

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32570768/>

31. Mejía L, Vela G, Zapata S. High occurrence of multiresistant *Salmonella* Infantis in retail meat in Ecuador. *Foodborne Pathog Dis.* 2020;17(12):785–90. doi:10.1089/fpd.2020.2808. [citado el 24 sep 2025]. Disponible en:

<https://www.liebertpub.com/doi/10.1089/fpd.2020.2808>

IX. TABLAS, GRÁFICOS Y FIGURAS

Figura 1: Diagrama para la selección de artículos.

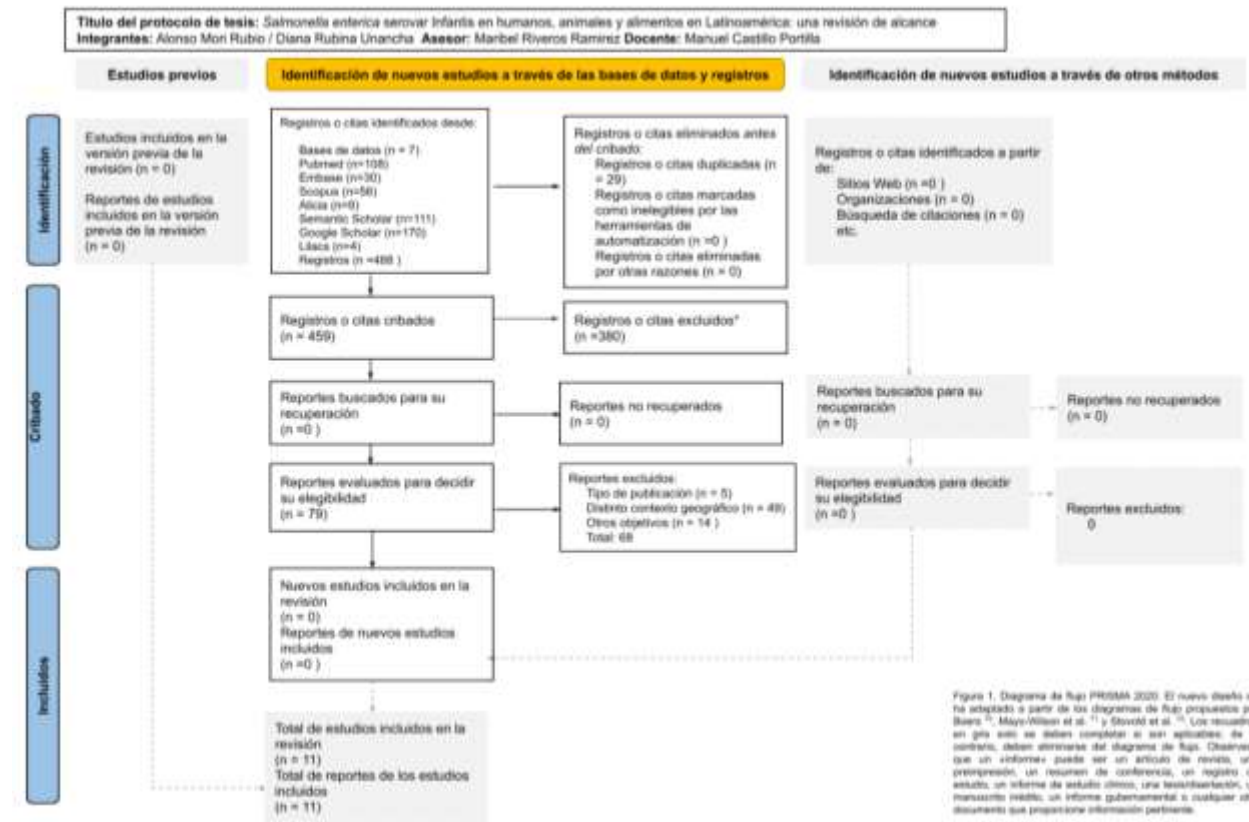


Figura 2: Cuadro de Características Generales de los Artículos

Título del artículo	referencia	Año de publicación	País	Tipo de estudio	FV(O1)	PGR (02)	FA (OE3)	TM (OE4)	TA (OE2)	PS (OE ñ5)
Characterization of ESBL-Producing <i>Salmonella enterica</i> Serovar Infantis Infection in Humans, Lima, Peru	21	2019	Perú	Estudio observacional descriptivo de corte transversal	-	ESBL (grupo CTX-M-9); blaCTX-M-65 (1 caso por WGS)	Heces humanas	Humanos	Disco-difusión (CLSI), Doble disco (ESBL), PCR, WGS (en 1 aislado)	36% (de casos de <i>Salmonella</i>)
Genomic Epidemiology of <i>Salmonella</i> Infantis in Ecuador: From Poultry Farms to Human Infections	Mejía L.; Medina JL.; Bayas R.; Salazar CS.; Villavicencio F.; Zapata S.; Matheu J.; Wagenaar JA.; González-Candelas F.; Vinuesa-Burgos C.	2020	Ecuador	Estudio de vigilancia epidemiológica integrada de corte transversal con componente analítico - genómico	SPI-2: sifA, sseL, pipB, sopD2, srlP; fimbriae: operones lpf, fim, csg; megaplasmido p-F219-like relacionado a pESI	blaCTX-M-65, ESBL	Granjas, heces humanas	Humanos, animales y alimentos	Disco-difusión (Kirby-Bauer, CLSI), PCR, WGS (MLST, Genes)	98.2% (granjas); 97.8% (alimentos); 50% (humanos)
Genomic characterization and antimicrobial resistance profiles of <i>Salmonella enterica</i> serovar Infantis isolated from food, humans and veterinary-related sources in Brazil	Vilela FP; Rodrigues DP; Allard MW; Falcão JP	2022	Brasil	Estudio observacional descriptivo de corte transversal	-	aac(6')-Iaa, aadA12, aph(3'')-Ib/aph(6)-Id; blaTEM-1, blaCTX-M-8, blaCMY-2; dfrA8; tet(A); floR; sul2; mdsA/B; mutaciones gyrB, parC, acrB, pmrA	Alimentos, humanos, granja, animales	Humanos, animales y alimentos	Disco-difusión (CLSI), WGS (MLST, SNP, ResFinder)	ND
Prevalence of efflux pump and heavy metal tolerance encoding genes among <i>Salmonella enterica</i> serovar Infantis strains from diverse sources in Brazil	Vilela FP; Rodrigues DdP; Allard MW; Falcão JP	2022	Brasil	Estudio observacional descriptivo de corte transversal	-	Eflujo (100%): acrA, acrB, emrB, mdtK, msbA, kpnF, marA, marR, soxR, soxS, baeR, crp, hns, kdpE, rsmA, sdiA; golS 98.75%; mdfA 58.75%; tet(A) 37.5%. Tolerancia a metales (co-selección): arsR 100%, golS/golT 98.75%, silABCDEFPRS 36.25%, merR/merT 1.25%	Humanos, alimentos, animales, granjas, Industrias	Humanos, animales y alimentos	WGS (Búsqueda de genes, CARD, AMRFinderPlus)	ND

Título del artículo	Autores	Año de publicación	País	Tipo de estudio	Factores de virulencia (Objetivo específico 1)	Genes de resistencia (Objetivo específico 2)	Fuente de aislamiento (Objetivo específico 4)	Tipo de muestra (humana, animal o alimento) (Objetivo específico 3)	Técnica de Laboratorio (Objetivo específico 2)	Prevalencia de Salmonella Infantil (Objetivo específico 5)
Genomic characterisation of the population structure and antibiotic resistance of <i>Salmonella enterica</i> serovar Infantis in Chile, 2009–2022	Piña-Iturbe A; Díaz-Gavida C; Álvarez FP; Barron-Montenegro R; Álvarez-Espejo DM; García P; Solís D; Constenla-Albornoz R	2024	Chile	Estudio observacional descriptivo transversal con un enfoque de epidemiología molecular y genómica retrospectiva.	pESI-like con yersiniabactina, fimbria K88-like e Ipf; sistemas toxina-antitoxina	tet(A), sul1, aadA1 (≥98%); aph(3')-Ia, aph(4)-Ia, aac(3)-IVa, floR, dfrA14, fosA3; blaCTX-M-65; gyrA D87Y (≈100% HC20_343); qnrB19 (algunas)	Aves de corral, carne de pollo, alimentos, animales.	Humano, animales y alimentos	WGS (ResFinder, AMRFinderPlus), PFGE, MLST, SNP	ND
<i>Salmonella</i> in Coastal Birds in Chile: Detection of a Multidrug-Resistant S. Infantis Bearing the blaCTX-M-65 Gene in a pESI-Like Megaplasmid in Humboldt Penguins	Wiederkehr CM; Álvarez J; Torre-Fuentes L; Crespo-López OI; Calfucura P; Ugarte-Ruiz M; Toledo V; Lurz PWW; Retamal P	2024	Chile	Estudio observacional descriptivo transversal, con componentes de vigilancia epidemiológica activa y caracterización molecular avanzada.	pESI-like con genes de yersiniabactina (ybP/Q/E/T/U/A/X/S, irp1/irp2, fyuA/psn); integrones clase 1 y 2	blaCTX-M-65 (ESBL); IncFIB(pN55391/pESI-like); ARGs frecuentes: tet(A), floR, sul1, aadA1, aac(3)-IV, aph(3')-Ia/aph(4)-Ia, fosA3, dfrA14	Pingüino de Humboldt	Animal	Microdilución (ISO, EUCAST), PCR, WGS (Serotipificación, Plásmidos)	S. Infantis fue la más común (9/22)
First report of multidrug-resistant <i>Salmonella</i> Infantis in broiler litter in Tolima, Colombia	Bonilla-Caballero MA, Lozano-Puentes MP, Ospina MA, Varón-López M	2022	Colombia	Estudio observacional descriptivo de corte transversal	ND	blaCTX-MF (todas las cepas, 100%) • blaCTX-M-1 (no detectado) • blaCMY (no detectado) • blaTEM (no detectado)	Carne de pollo de engorde	Muestra ambiental/animal	Aislamiento bacteriano en medios selectivos (XLD, SS, XLT4, MacConkey) Confirmación bioquímica PCR para gen invA (confirmación de <i>Salmonella</i>) PCR para genes de resistencia betalactámicos (blaCTX-MF, blaCMY, blaTEM, blaCTX-M-1) Serotipificación Kauffmann-White	15 muestras fueron de <i>Salmonella</i> Infantis

									Antibiograma Kirby-Bauer (15 antibióticos)	
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

Título del artículo	Autores	Año de publicación	País	Tipo de estudio	Factores de virulencia (Objetivo específico 1)	Genes de resistencia (Objetivo específico 2)	Fuente de aislamiento (Objetivo específico 4)	Tipo de muestra (humana, animal o alimento) (Objetivo específico 3)	Técnica de Laboratorio (Objetivo específico 2)	Prevalencia de <i>Salmonella</i> Infantis (Objetivo específico 5)
Characteristics of virulence, resistance and genetic diversity of strains of <i>Salmonella</i> Infantis isolated from broiler chicken in Brazil	Mendonça EP; Melo RT; Oliveira MRM; Monteiro GP; Peres PABM; Fonseca BB; Giombelli A; Rossi DA	2020	Brasil	Estudio observacional descriptivo transversal con componentes analíticos y de laboratorio	agfA , lpfA , sefA	blaAmpC , blaCTX-M , blaSHV , blaTEM	Granja, matadero	Animales, alimentos	Disco-difusión (CLSI), PCR, RAPD-PCR	27.27% (de aislados de <i>Salmonella</i> Infantis)
Multiple antibiotic resistance of <i>Salmonella</i> Infantis in the Peruvian poultry production chain: Detection in birds, the farming environment, and chicken carcasses	Dávalos S; Santa-Cruz M; Condori R; Rodríguez J; Lucas JR	2025	Perú	Estudio observacional descriptivo de corte transversal	-	-	Aves y pollo	Animales, alimentos	Disco-difusión (Kirby-Bauer, CLSI), PCR (solo para invA y fjiB)	10.1% (en aves vivas)
Phenotypic and Genotypic Characterization of Virulence Factors and Susceptibility to Antibiotics in <i>Salmonella</i> Infantis Strains Isolated from Chicken Meat: First Findings in Chile	Lapierre L.; Cornejo J.; Zavala S.; Galarce N.; Sánchez F.; Benavides M.B.; Guzmán M.; Sáenz L.	2020	Chile	Estudio observacional descriptivo de corte transversal	invA, sipA, sipD, sopD, SEN1417, mgfC, pagK (100%); 6 viruloperfiles	blaCTX-M-65 (13 cepas); qnrB (2); tet(A) (6) y tet(B) (22); dfrA1 (27); int1 (6/87); mcr(1-5) no detectados	Carne de pollo	Alimento	Disco-difusión (Kirby-Bauer, CLSI), MIC (Colistina, EUCAST), PCR	24% (de muestras de carne)
High Occurrence of Multiresistant <i>Salmonella</i> Infantis in Retail Meat in Ecuador	Mejía L.; Vela G.; Zapata S.	2020	Ecuador	Estudio observacional descriptivo de corte transversal con vigilancia microbiológica	-	-	Carne de pollo, cerdo, res, ternera, cordero y pavo	Alimento	Cultivo convencional, Disco-difusión (Kirby-Bauer, CLSI), PCR (múltiple)	80.8% - 94.3% (Rango de <i>S. Infantis</i> en muestras de carne)

ND: No dato., FV: Factores de virulencia; 01: Objetivo 1; PGR: perfiles de los genes de resistencia, 02: Objetivo 2; FA: Fuentes de aislamiento, 03: Objetivo 3; TA: Técnicas de laboratorio, 04: Objetivo 04; PS: Prevalencia de *Salmonella* Infantis

Tabla 1: Factores de virulencia

Factores de virulencia	
Estudios donde se reportaron Factores de virulencia	n= 5 (100%)
Genomic Epidemiology of Salmonella infantis in Ecuador: From Poultry Farms to Human Infections	SPI-2: <i>sifA</i> , <i>sseL</i> , <i>pipB</i> , <i>sopD2</i> , <i>srpP</i> ; fimbriae: operones <i>lpf</i> , <i>fim</i> , <i>csg</i> ; megaplasmido p-F219-like relacionado a pESI
Genomic characterisation of the population structure and antibiotic resistance of Salmonella enterica serovar Infantis in Chile, 2009–2022	pESI-like con yersiniabactina, fimbria K88-like e <i>lpf</i> , sistemas toxina-antitoxina
Salmonella in Coastal Birds in Chile: Detection of a Multidrug-Resistant S. Infantis Bearing the blaCTX-M-65 Gene in a pESI-Like Megaplasmid in Humboldt Penguins	pESI-like con genes de yersiniabactina (<i>ybtP/Q/E/T/U/A/X/S</i> , <i>irp1/irp2</i> , <i>fyuA/psn</i>); integrones clase 1 y 2
Characteristics of virulence, resistance and genetic diversity of strains of Salmonella infantis isolated from broiler chicken in Brazil	<i>agfA</i> , <i>lpfA</i> , <i>sefA</i>
Phenotypic and Genotypic Characterization of Virulence Factors and Susceptibility to Antibiotics in Salmonella Infantis Strains Isolated from Chicken Meat: First Findings in Chile	<i>invA</i> , <i>sipA</i> , <i>sipD</i> , <i>sopD</i> , SEN1417, <i>mgtC</i> , <i>pagK</i> (100%), 6 viruloperfiles

Tabla 2: Perfiles de genes de resistencia

Genes de Resistencia	
Estudios donde se reportaron Genes de Resistencia	n= 9/11 (%)
Characterization of ESBL-Producing Salmonella enterica Serovar Infantis Infection in Humans, Lima, Peru	Grupo CTX-M-9 (ESBL), blaCTX-M-65 (1 caso por WGS) y blaTEM/ bleSHV (búsqueda adicional)
Genomic Epidemiology of Salmonella Infantis in Ecuador: From Poultry Farms to Human Infections	blaCTX-M-65 (principal gen BLEE identificado), blaCTX-M (subgrupos 1, 2, 8, 9, 14), blaTEM, blaSHV y blaCMY
Genomic characterization and antimicrobial resistance profiles of Salmonella enterica serovar Infantis isolated from food, humans and veterinary-related sources in Brazil	aac(6)-Iaa, aadA12, aph(3'')-Ib/aph(6)-Id; blaTEM-1, blaCTX-M-8, blaCMY-2; dfrA8; tet(A); floR; sul2; mdsA/B; mutaciones gyrB, parC, acrB, pmrA
Prevalence of efflux pump and heavy metal tolerance encoding genes among Salmonella enterica serovar Infantis strains from diverse sources in Brazil	Eflujo (100%): acrA, acrB, emrB, mdtK, msbA, kpnF, marA, marR, soxR, soxS, baeR, crp, hns, kdpE, rsmA, sdiA; goIS 98.75%; mdfA 58.75%; tet(A) 37.5%. Tolerancia a metales (co-selección): arsR 100%, goIS/goIT 98.75%, silABCDEFPRS 36.25%, merR/merT 1.25%
Genomic characterisation of the population structure and antibiotic resistance of Salmonella enterica serovar Infantis in Chile, 2009–2022	tet(A), sul1, aadA1 (≥98%); aph(3')-Ia, aph(4)-Ia, aac(3)-IVa, floR, dfrA14, fosA3; blaCTX-M-65; gyrA D87Y (~100% HC20_343); qnrB19 (algunas)
Salmonella in Coastal Birds in Chile: Detection of a Multidrug-Resistant S. Infantis Bearing the blaCTX-M-65 Gene in a pESI-Like Megaplasmid in Humboldt Penguins	blaCTX-M-65 (ESBL); IncFIB(pN55391/pESI-like); ARGs frecuentes: tet(A), floR, sul1, aadA1, aac(3)-IV, aph(3')-Ia/aph(4)-Ia, fosA3, dfrA14
First report of multidrug-resistant Salmonella Infantis in broiler litter in Tolima	blaCTX-M-F (detectado) blaCTX-M-1, blaCMY, blaTEM (no detectados)
Characteristics of virulence, resistance and genetic diversity of strains of Salmonella Infantis isolated from broiler chicken in Brazil	blaAmpC, blaCTX-M, blaSHV, blaTEM
Phenotypic and Genotypic Characterization of Virulence Factors and Susceptibility to Antibiotics in Salmonella Infantis Strains Isolated from Chicken Meat: First Findings in Chile	blaCTX-M-65 (13 cepas); qnrB (2); tet(A) (6) y tet(B) (22); dfrA1 (27); int1 (6/87); mcr(1–5) no detectados

Tabla 3: Fuentes de aislamiento

Fuente de Aislamiento	
Estudios donde se reportaron Fuentes de Aislamiento	n= 11 (100%)
Characterization of ESBL-Producing Salmonella enterica Serovar Infantis Infection in Humans, Lima, Peru	Humanas: heces, sangre, orina
Genomic Epidemiology of Salmonella Infantis in Ecuador: From Poultry Farms to Human Infections	Granjas avícolas, canales de pollo (supermercados, tiendas pequeñas, mercados abiertos) y heces humanas (pacientes con diarrea)
Genomic characterization and antimicrobial resistance profiles of Salmonella enterica serovar Infantis isolated from food, humans and veterinary-related sources in Brazil	Alimentos, humanos, granja, animales
Prevalence of efflux pump and heavy metal tolerance encoding genes among Salmonella enterica serovar Infantis strains from diverse sources in Brazil	Humanos, alimentos, animales, granjas, Industrias
Genomic characterisation of the population structure and antibiotic resistance of Salmonella enterica serovar Infantis in Chile, 2009–2022	Aves de corral, carne de pollo, alimentos, animales.
Salmonella in Coastal Birds in Chile: Detection of a Multidrug-Resistant S. Infantis Bearing the blaCTX-M-65 Gene in a pESI-Like Megaplasmid in Humboldt Penguins	Pinguino de Humbolt
First report of multidrug-resistant Salmonella Infantis in broiler litter in Tolima	Litter (lecho) de broilers / granja avícola
Characteristics of virulence, resistance and genetic diversity of strains of Salmonella Infantis isolated from broiler chicken in Brazil	Granja, matadero
Multiple antibiotic resistance of Salmonella Infantis in the Peruvian poultry production chain: Detection in birds, the farming environment, and chicken carcasses	Aves y pollo
Phenotypic and Genotypic Characterization of Virulence Factors and Susceptibility to Antibiotics in Salmonella Infantis Strains Isolated from Chicken Meat: First Findings in Chile	Carne de pollo
High Occurrence of Multiresistant Salmonella Infantis in Retail Meat in Ecuador	Carne de pollo, cerdo, res, ternera, cordero y pavo

Tabla 4: Técnicas de Laboratorio

Técnica de Laboratorio	
Estudios donde se reportaron técnicas de laboratorio	n= 11 (100%)
Characterization of ESBL-Producing Salmonella enterica Serovar Infantis Infection in Humans, Lima, Peru	Disco-difusión (CLSI), Doble disco (ESBL), PCR, WGS (en 1 artículo)
Genomic Epidemiology of Salmonella Infantis in Ecuador: From Poultry Farms to Human Infections	WGS (Whole Genome Sequencing), PCR (Polymerase Chain Reaction), PCR Multiple - PCR para Multiplex Ovaras (Multiplex PCR), AST, Kirby-Bauer (Método de Difusión en Disco), BLSE (ESBL - Extended-Spectrum Beta-Lactamase), MLST (Multilocus Sequence Typing)
Genomic characterization and antimicrobial resistance profiles of Salmonella enterica serovar Infantis isolated from food, humans and veterinary-related sources in Brazil	Disco-difusión (CLSI), WGS (MLST, SNP, ResFinder)
Prevalence of efflux pump and heavy metal tolerance encoding genes among Salmonella enterica serovar Infantis strains from diverse sources in Brazil	WGS (Búsqueda de genes, CARD, AMRFinderPlus)
Genomic characterisation of the population structure and antibiotic resistance of Salmonella enterica serovar Infantis in Chile, 2009–2022	WGS (ResFinder, AMRFinderPlus), PFGE, MLST, SNP
Salmonella in Coastal Birds in Chile: Detection of a Multidrug-Resistant S. Infantis Bearing the blaCTX-M-65 Gene in a pESI-Like Megaplasmid in Humboldt Penguins	Microdifusión (ISO, EUCAST), PCR, WGS (Serotyping, Plasmid)
First report of multidrug-resistant salmonella infantis in broiler litter in Tolima	Pre-enriquecimiento en buffered peptone water - Enriquecimiento en caldo Rappaport-Vassiliadis a 41 °C - Siembra en XLD, SS, XLT4, MacConkey - Pruebas bioquímicas (TSI, SIM, ureasa, etc.) - PCR para gen <i>invA</i> - Serotipado por esquema de Kauffmann-White - Antibiótico-grama (disk difusión método Kirby-Bauer) - PCR para genes β -lactámicos (blaCTX-M-F, blaCTX-M-1, blaCMY, blaTEM) - Secuenciación de productos PCR
Characteristics of virulence, resistance and genetic diversity of strains of Salmonella Infantis isolated from broiler chicken in Brazil	Disco-difusión (CLSI), PCR, RAPD-PCR
Multiple antibiotic resistance of Salmonella Infantis in the Peruvian poultry production chain: Detection in birds, the farming environment, and chicken carcasses	Disco-difusión (Kirby-Bauer, CLSI), PCR (solo para <i>invA</i> y <i>fljB</i>)
Phenotypic and Genotypic Characterization of Virulence Factors and Susceptibility to Antibiotics in Salmonella Infantis Strains Isolated from Chicken Meat: First Findings in Chile	Disco-difusión (Kirby-Bauer, CLSI), MIC (Colobita, EUCAST), PCR
High Occurrence of Multiresistant Salmonella Infantis in Retail Meat in Ecuador	Cultivo convencional, Disco-difusión (Kirby-Bauer, CLSI), PCR (multiple)

ANEXOS

ANEXO 1. Cuadro de operacionalización de variable

Variables	Definición Conceptual	Definición Operacional	Indicador	Tipo y escala de medición
Factores de virulencia	Presencia de factores de virulencia como cápsula, biofilm, sideróforos	Reporte de artículos sobre aislamiento con factores de virulencia con métodos genotípicos o fenotípicos sobre cápsula, biofilm, sideróforos	Presencia/ausencia de factores de virulencia reportados en el estudio.	Cualitativa dicotómica (presencia / ausencia)
Resistencia antimicrobiana	Capacidad de S. Infantis para sobrevivir o multiplicarse en presencia de uno o más antimicrobianos	Reporte de estudios que identifican perfiles de resistencia antimicrobiana mediante pruebas fenotípicas o genéticas (Ej: PCR, disco difusión y otros)	Presencia de genes de resistencia o resistencia fenotípica frente a grupos antimicrobianos (quinolonas, betalactamasas y otros)	Cualitativa categórica
Tipo de muestra	Origen biológico o matriz de donde se obtiene el aislamiento (humano, animal o alimentario)	Asignación del aislamiento a una categoría general (humana, animal o alimentaria) según la fuente específica reportada en el estudio.	Tipo de muestra: humana / animal / alimentaria.	Cualitativa nominal
Fuente de aislamiento	Origen biológico de la muestra de donde se aísla la bacteria.	Tipo de muestra reportada en el estudio: -Humanos: heces, orina y otros. -Animales: aves, ovinos y otros. -Alimentos:huevo, carne, leche y otros.	Tipo de muestra: humana, animal, alimentaria.	Cualitativa categórica
País / región del estudio	Localización geográfica donde se realizó el estudio.	País o región mencionada en el artículo donde se recolectaron las muestras.	Países o regiones reportadas.	Cualitativa categórica