



The last 50 years of *Salmonella* in Mexico: Sources of isolation and factors that influence its prevalence and diversity.

Los últimos 50 años de *Salmonella* en México: Fuentes de aislamiento y factores que influyen en su prevalencia y diversidad.

Contreras-Soto, M. B.¹, Medrano-Félix, J. A.², Ibarra-Rodríguez, J. R.¹,
Martínez-Urtaza, J.³, Chaidez, Q. C.¹, Castro-del Campo, N.^{1*}

¹Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo A.C., Coordinación Regional Culiacán,
Laboratorio Nacional para la Investigación en Inocuidad Alimentaria, Sinaloa, México.

²CONACYT-Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo A.C., Coordinación Regional Culiacán,
Laboratorio Nacional para la Investigación en Inocuidad Alimentaria, Sinaloa, México.

³Centre for Environment, Fisheries and Aquaculture Science (CEFAS), Weymouth, United Kingdom.

Cite this paper/Como citar este artículo: Contreras-Soto, M. B., Medrano-Félix, J. A., Ibarra-Rodríguez, J. R., Martínez-Urtaza, J., Chaidez, Q. C., Castro-del Campo, N. (2019). The last 50 years of *Salmonella* in Mexico: Sources of isolation and factors that influence its prevalence and diversity. *Revista Bio Ciencias* 6(2), e540. doi: <http://dx.doi.org/10.15741/revbio.06.02.02>



ABSTRACT

This review describes the outlook of *Salmonella* research in terms of diversity and factors that influence its prevalence in Mexico; emphasizing in ecology, climate change and the strategies used to persist in different environments. To this end, an extensive scientific review of studies carried out in Mexico between January 1968 and March 2018 has evidenced the following: the presence of at least 216 different *Salmonella enterica* serotypes circulating in Mexico, being Enteritidis, Typhimurium, Anatum, Agona and Meleagridis the most prevalent; animal origin food are the main source of *Salmonella* isolation (42.76 %); and the states located in eco-regions of hot-humid climates have the highest rates of non-typhoid salmonellosis in Mexico. The climatic conditions of the tropics favor *Salmonella* proliferation, and Mexico is not the exception. As part of

Article Info/Información del artículo

Received/Recibido: July 09th 2018.

Accepted/Aceptado: October 05th 2018.

Available on line/Publicado: December 10th 2018.

RESUMEN

Esta revisión describe el panorama de la investigación de *Salmonella* en términos de diversidad y factores que influyen su prevalencia en México; haciendo énfasis en ecología, cambio climático y estrategias que emplea para persistir en distintos ambientes. Para ello, se realizó una extensiva revisión científica de trabajos realizados en México entre enero de 1968 y marzo de 2018, donde se evidencia: la presencia al menos de 216 serotipos diferentes de *Salmonella enterica* circulando en México, siendo Enteritidis, Typhimurium, Anatum, Agona y Meleagridis los más prevalentes; los alimentos de origen animal son la principal fuente de aislamiento de *Salmonella* (42.76 %); y los estados ubicados en ecorregiones de climas cálidos-húmedos presentan los índices más elevados de salmonelosis no tifoidea en México. Las condiciones climáticas consistentes de las zonas tropicales favorecen la proliferación de *Salmonella*, y en México no es la excepción. Como parte de ello, la supervivencia y adaptación de *Salmonella* depende de tres estrategias fundamentales: 1) resistencia contra antibióticos de primera

*Corresponding Author:

Nohelia Castro-del Campo, PhD. Laboratorio Nacional para la Investigación en Inocuidad Alimentaria. Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C., Coordinación Regional Culiacán, Carretera a Eldorado Km 5.5, Campo El Diez, C.P 80110. Sinaloa, México. Phone: +52(667) 760 5536; Fax: +52(667) 760 5537. E-mail: ncastro@ciad.mx

this, the survival and adaptation of *Salmonella* depends on three fundamental strategies: 1) resistance against first-line antibiotics, 2) ability to use alternate carbon sources, and 3) ability to form biofilms. The use of a strategy or their combination by the circulating populations of *Salmonella* could increase the risk to public health. Therefore, this review aimed to exhaustively analyze the elements that give *Salmonella* a greater adaptation capacity, favoring its dispersion dynamics; and thus contribute to the understanding of its nature and the epidemiology caused by this pathogen in Mexico.

KEY WORDS

Salmonella, climatic change, Mexico, biofilms, antimicrobial resistance, genetic diversity.

Introduction

Salmonella is globally recognized as the main food/waterborne etiological disease agent (WHO, 2018a). The Center for Disease Control and Prevention of the United States of America and the European Food Safety Authority report more than 1,000,000 and 100,000 non-typhoidal *Salmonella* infections annually, respectively (CDC, 2018a, EFSA, 2015), while in Mexico the number reaches approximately 70,000 cases of this condition each year (DGE, 2017).

Although this bacterium resides predominantly in the gastrointestinal tract of warm-blooded and cold-blooded animals, its recognized ubiquity in natural environments, where it deploys survival strategies, allows it to prevail for prolonged periods in soils and sediments adapting itself to stressful conditions of temperature, pH, desiccation, osmotic and nutritional stress, as well as predation facilitating its survival, environmental dispersion and the reach of new hosts (Donlan & Costerton, 2002; Tamagnini & Paraje, 2015).

Salmonella is persistent and shows a seasonal behavior, particularly when high temperatures and rainfalls are present, as those in tropical and subtropical regions where environmental conditions are ideal for the establishment of the bacteria (Simental & Martínez-Urtaza, 2008; Zhang *et al.*, 2010; WHO, 2018b). Another important factor in the environmental persistence of *Salmonella* is its resistance to antibiotics,

línea, 2) habilidad para utilizar fuentes alternas de carbono, y 3) capacidad de formar biopelículas. El uso de alguna estrategia o la combinación de ellas por las poblaciones de *Salmonella* circulantes podría aumentar el riesgo para la salud de la población. Por ello, esta revisión tiene como objetivo analizar de manera exhaustiva los elementos que le confieren una mayor capacidad de adaptación, favoreciendo las dinámicas de dispersión de *Salmonella*, y contribuyendo de esta manera al entendimiento de su naturaleza y a la epidemiología debida a este patógeno en México.

PALABRAS CLAVE

Salmonella, cambio climático, México, biopelículas, resistencia antimicrobiana, diversidad genética.

Introducción

Salmonella es mundialmente reconocida como el principal agente etiológico de enfermedades transmitidas por alimentos y agua (WHO, 2018a). El centro para el control y prevención de enfermedades de los Estados Unidos de América y la autoridad Europea de Seguridad Alimentaria reportan anualmente más de 1,000,000 y 100,000 infecciones por *Salmonella* no tifoidea, respectivamente (CDC, 2018a; EFSA, 2015), mientras en México el número alcanza alrededor de 70,000 casos de este padecimiento cada año (DGE, 2017).

A pesar de que esta bacteria reside predominantemente en el tracto gastrointestinal de animales de sangre caliente y de sangre fría, su reconocida ubicuidad en ambientes naturales, donde despliega estrategias de supervivencia, le permiten prevalecer por periodos prolongados en suelos y sedimentos adaptándose a condiciones estresantes de temperatura, pH, desecación, estrés osmótico y nutricional, así como depredación, facilitando su supervivencia, dispersión ambiental y alcance de nuevos hospederos (Donlan & Costerton, 2002; Tamagnini & Paraje, 2015).

Salmonella es persistente y muestra un comportamiento estacional, particularmente cuando concurren temperaturas y precipitaciones elevadas, como es el caso de las regiones tropicales y subtropicales donde las condiciones ambientales son ideales para el establecimiento de la bacteria (Simental & Martínez-Urtaza, 2008; Zhang *et al.*, 2010; WHO, 2018b). Otro factor importante en la persistencia ambiental de *Salmonella* es su resistencia

which increases the risk of infections in humans and animals due to the appearance of multi-resistant clones, further complicating the therapeutic treatment related to diseases and outbreaks (Angulo *et al.*, 2004; Zaidi *et al.*, 2012). In addition, the ability of *Salmonella* to form biofilms in different scenarios facilitates its adherence to survive on living or inert surfaces, a crucial step to infect a new host (Donlan & Costerton, 2002; Ledebøer & Jones, 2005; Steenackers *et al.*, 2012).

The objective of this review was to describe the state that holds knowledge about the diversity of *Salmonella* and the factors that contribute to its persistence and prevalence in order to have a better understanding of its passage through the environment attempting to discern how this can impact this pathogen and therefore the epidemiology of the population of our country. This information will be useful to generate future research lines that will help in the design of strategies for the surveillance and control of this microorganism.

Result and Discussion

Epidemiology of *Salmonella* in Mexico

The genus *Salmonella* groups two species: *bongori* and *enterica*, the latter being divided into six subspecies: *enterica*, *salamae*, *arizonae*, *diarizonae*, *houtenae* and *indica* (Brenner *et al.*, 2000). Of these, the subspecies *enterica* stands out, which is represented by more than 2600 serotypes that together generate millions of infections annually, ranging from acute gastroenteritis (nontyphoidal salmonellosis, NTS) to typhoid fever (Typhi and Paratyphi serotypes) in human beings (CDC, 2013). The main symptoms of NTS are inflammation of the gastrointestinal tract that is accompanied by non-bloody diarrhea, vomiting, nausea, headache, abdominal cramps and myalgia. In healthy individuals, the NTS is a self-limiting infection, with a recovery period from 2 to 4 days; however, susceptible groups of the population, such as children, elderly and immunocompromised, are vulnerable to suffer from serious conditions that can even cause death (CDC, 2018b). Of the 2,600 serotypes Typhimurium and Enteritidis lead the reports of diarrheal outbreaks, for which they are considered the main responsible for the NTS (CDC, 2018b).

The epidemiological surveillance systems are an effective tool to know with relative certainty the

a antibióticos, lo que aumenta el riesgo de infecciones en humanos y animales debido a la aparición de clones multiresistentes, dificultando aún más el tratamiento terapéutico relacionado con enfermedades y brotes (Angulo *et al.*, 2004; Zaidi *et al.*, 2012). Además de esto, la capacidad de *Salmonella* para formar biopelículas en distintos escenarios facilita su adherencia para sobrevivir en superficies vivas o inertes, un paso crucial para infectar un nuevo hospedero (Donlan & Costerton, 2002; Ledebøer & Jones, 2005; Steenackers *et al.*, 2012).

El objetivo de esta revisión fue describir el estado que guarda el conocimiento sobre la diversidad de *Salmonella* y los factores que contribuyen a su persistencia y prevalencia con la finalidad de tener un mejor entendimiento de su paso por el ambiente y tratar de discernir como esto puede impactar en este patógeno y por ende, en la epidemiología de la población de nuestro país. Dicha información será de utilidad para generar futuras líneas de investigación que ayudarán en el diseño de estrategias para la vigilancia y control de este microorganismo.

Resultados y Discusión

Epidemiología de *Salmonella* en México

El género *Salmonella* consta de dos especies: *bongori* y *enterica*, siendo ésta última dividida en seis subespecies: *enterica*, *salamae*, *arizonae*, *diarizonae*, *houtenae* e *indica* (Brenner *et al.*, 2000). De éstas, destaca la subespecie *enterica*, la cual es representada por más de 2,600 serotipos que en conjunto, generan anualmente millones de infecciones, que varían desde una gastroenteritis aguda (salmonelosis no tifoidea, NTS) hasta fiebre tifoidea (serotipos Typhi y Paratyphi) en los seres humanos (CDC, 2013). Los principales síntomas de NTS son inflamación del tracto gastrointestinal que se acompaña con diarrea no sanguinolenta, vómito, náusea, dolor de cabeza, calambres abdominales y mialgia. En individuos sanos la NTS es una infección autolimitante, con un periodo de recuperación de 2 a 4 días; sin embargo, grupos susceptibles de la población, tales como niños, adultos mayores e inmunocomprometidos, son vulnerables a sufrir padecimientos graves que incluso pueden provocar la muerte (CDC, 2018b). De los 2600 serotipos Typhimurium y Enteritidis lideran los reportes de brotes diarréicos, por lo que se consideran los principales responsables de la NTS (CDC, 2018b).

Los sistemas de vigilancia epidemiológica son una herramienta eficaz para conocer con relativa certeza

incidence of diarrheal outbreaks generated by the consumption of contaminated food, as well as the impact on the morbidity and mortality of the population. Unfortunately, these systems only work properly in developed countries, while in developing countries their functionality is deficient. This dysfunction is associated with the population's lack of interest in seeking medical attention in case of a diarrheal event, probably due to the general understanding of the self-limiting behavior commonly exhibited by these infections, and the economic burden involved in the clinical and treatment processes, as well as the deficiencies in public health systems that demotivate the patient to demand their rights as a beneficiary of the system.

Health authorities in Mexico have made a great effort to strengthen the national epidemiological surveillance system (Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica, SINAVE), which is responsible for collecting information on epidemiological events, including cases of salmonellosis, which are reported weekly, complying with the Standard Mexican Official NOM-017-SSA2-1994.

In this sense, the SINAVE shows in the period from 1984 to 2017 a considerable increase of typhoid fever going from 7,629 to 45,280 cases; and for paratyphoid fever/other salmonellosis from 31,943 to 104,471 cases, respectively (Figure 1 and 2). These statistical data show Sinaloa and Tamaulipas as the states with the highest rate of typhoid fever with 12.9 % and 10.25 %, respectively. In the case of paratyphoid fever and other salmonellosis, Chiapas (12.99 %), Veracruz (9.37 %) and Tabasco (8.31 %) are the states with the highest number of cases (INEGI, 2017) registered in the months of March to October (DGE, 2017). This information exhibits an increase of approximately double the cases of salmonellosis in the female population in relation to the male gender (DGE, 2017). These findings agree with the dynamics worldwide and specifically with that cited by Reller *et al.*, (2008) where an increase of salmonellosis in women in the years comprised from 1968 to 2000 is reported. The possible causes of this global and national trend are associated with the following factors: the female Mexican population is greater than the male population, biological susceptibility, and higher frequency of exposure with potential sources of contamination.

la incidencia de brotes diarreicos generados por el consumo de alimentos contaminados, así como el impacto en la morbilidad y mortalidad de la población. Desafortunadamente, estos sistemas solo funcionan de manera adecuada en países desarrollados, mientras que en los países en desarrollo su funcionabilidad es deficiente. Esta disfuncionalidad está asociada al desinterés de la población por acudir al médico en caso de un evento diarreico, probablemente debido al entendimiento general del comportamiento autolimitante que comúnmente exhiben dichas infecciones, y al compromiso económico que conlleva el proceso de consulta clínica y tratamiento, así como las deficiencias en los sistemas de salud pública que desmotivan al paciente a ejercer sus derechos como beneficiario del sistema.

Las autoridades de salud en México han hecho un gran esfuerzo para fortalecer el Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica (SINAVE), que se encarga de recolectar la información de eventos epidemiológicos, incluyendo los casos de salmonellosis, los cuales son reportados semanalmente, cumpliendo con la Norma Oficial Mexicana NOM-017-SSA2-1994.

En este sentido, el SINAVE muestra en el periodo comprendido de 1984 a 2017 un aumento considerable de fiebre tifoidea pasando de 7,629 a 45,280 casos; y para fiebre paratifoidea/ otras salmonellosis de 31,943 a 104,471 casos, respectivamente (Figura 1 y 2). Estos datos estadísticos muestran a Sinaloa y Tamaulipas como los estados con mayor índice de fiebre tifoidea con 12.9 % y 10.25 %, respectivamente. Para el caso de fiebre paratifoidea y otras salmonellosis, Chiapas (12.99 %), Veracruz (9.37 %) y Tabasco (8.31 %) son los estados con mayor número de casos (INEGI, 2017) registrados en los meses de marzo a octubre (DGE, 2017). Esta información muestra un incremento de aproximadamente el doble de casos de salmonellosis en la población femenina en relación al género masculino (DGE, 2017). Estos hallazgos concuerdan con las dinámicas a nivel mundial y específicamente con lo citado por Reller *et al.*, (2008) donde se reporta un aumento de salmonellosis en mujeres en los años comprendidos de 1968 a 2000. Las posibles causas de esta tendencia mundial y nacional se asocian a los siguientes factores: la población mexicana femenina es mayor a la población masculina, susceptibilidad biológica, mayor frecuencia de exposición con fuentes potenciales de contaminación.

En esta revisión de los años 1968 a 2018 se han detectado en México un amplio rango de serotipos de *Salmonella*

In this review from 1968 to 2018, a wide range of *Salmonella* serotypes isolated from the environment, food, humans and animals were detected in Mexico, highlighting Enteritidis, Typhimurium, Anatum, Agona, Meleagridis, Oranienburg, Derby, Infantis, Ohio and Havana as the most predominant serotypes (Table 1); This predominance serotype pattern agrees to a large extent with the study carried out by Gutiérrez-Cogco *et al.*, (2000) where it presents Typhimurium, Enteritidis, Derby, Agona and Anatum as the main *Salmonella* serotypes circulating in the country in the period from 1972 to 1999, isolated from diverse sources (human, environment, food).

This type of information exposes an important area of opportunity to strengthen the epidemiological systems in the study of *Salmonella* in Mexico, since one of the main limitations at the moment of conducting epidemiological surveillance lies in the techniques used for the necessary monitoring for this process; the methodologies used are usually laborious, expensive, nonspecific and time-consuming to obtain results, and finally the search is restricted to only two serotypes (Typhi and Paratyphi). For this reason, in recent years, the adoption of modern strategies that address the limitations presented by conventional methods and offer quick, reliable, simple or automated and economic alternatives has been promoted among the scientific community. The whole genome sequencing is a tool that is revolutionizing the microbiological analysis at present, allowing to obtain relevant information of specific individuals in record time by means of detection, monitoring, characterization and analysis of pathogenic microorganisms through comparative and functional genomics, also applied in the reconstruction of the dispersion dynamics of the mentioned microorganisms and their evolutionary history.

The innovative genomic tools will revolutionize epidemiological surveillance, offering useful tools to monitor, prevent and strategy design for the control of pathogenic microorganisms responsible for epidemiological outbreaks. This in turn will have a strong impact on the safety along the food chain production and public health.

Predisposing factors for the prevalence of *Salmonella*

Extreme environmental conditions such as heat waves, high rainfall and intrinsic characteristics of

aislados del ambiente, alimentos, humano y animales, destacando a Enteritidis, Typhimurium, Anatum, Agona, Meleagridis, Oranienburg, Derby, Infantis, Ohio y Havana como los serotipos más predominantes (Tabla 1); este patrón de predominancia de serotipos concuerda en gran medida con el estudio realizado por Gutiérrez-Cogco *et al.*, (2000) donde presenta a Typhimurium, Enteritidis, Derby, Agona y Anatum como los principales serotipos de *Salmonella* que circulaban en el país en el período de 1972 a 1999, aislados de diversas fuentes (humanos, ambiente, alimentos).

Este tipo de información expone una importante área de oportunidad para fortalecer los sistemas epidemiológicos en el estudio de *Salmonella* en México, ya que una de las principales limitantes al momento de realizar la vigilancia epidemiológica radica en las técnicas utilizadas para los monitoreos necesarios para este proceso; las metodologías empleadas suelen ser laboriosas, costosas, inespecíficas y toman un tiempo considerable para la obtención de resultados, y finalmente la búsqueda es restringida a solo dos serotipos (Typhi y Paratyphi). Es por ello, que en años recientes se promueve entre la comunidad científica la adopción de estrategias modernas que aborden las limitantes presentadas por los métodos convencionales y ofrezcan alternativas rápidas, confiables, sencillas o automatizadas y económicas. La secuenciación masiva de ácidos nucleicos es una herramienta que está revolucionando el análisis microbiológico en la actualidad, permitiendo obtener información relevante de individuos específicos en tiempo record mediante la detección, monitoreo, caracterización y análisis de microorganismos patógenos a través de genómica comparativa y funcional, también aplicada en la reconstrucción de las dinámicas de dispersión de dichos microorganismos y de su historia evolutiva.

Las herramientas genómicas innovadoras vendrán a revolucionar la vigilancia epidemiológica, ofreciendo herramientas útiles para el monitoreo, prevención y diseño de estrategias para el control de microorganismos patógenos responsables de brotes epidemiológicos. Lo que a su vez impactará fuertemente en la inocuidad alimentaria a lo largo de la cadena de la producción de alimentos y la salud pública.

Factores predisponentes para la prevalencia de *Salmonella*

Las condiciones ambientales extremas como olas de calor, altas precipitaciones pluviales y características intrínsecas del patógeno que incluyen la formación de biopelículas y la resistencia antimicrobiana en clones

Table 1
Diversity of *Salmonella* serotypes in Mexico isolated from different sources from 1968 to 2018.

Tabla 1
Diversidad de serotipos de *Salmonella* en México aislados de diferentes fuentes desde 1968 hasta 2018.

Serotype	Isolation origin						%	References*
	Animal	Human	Envi- ment	Food of animal origin	Food of plant origin	Total		
Enteritidis	7	190	1	53	6	257	6.61	27, 2, 46, 44, 11, 10, 35, 19, 42, 36, 22, 15
Typhimurium	17	63	38	100	29	247	6.52	27, 2, 46, 34, 44
Anatum	25	38	18	120	4	205	5.41	27, 24, 18, 2, 46, 34, 44, 1, 29, 41, 10, 35, 13, 40, 36
Agona	3	67	5	106	8	189	4.99	27, 46, 44, 27, 14, 29, 10, 35, 17, 40, 36, 15
Meleagridis	1	41	0	118	0	160	4.22	27, 46, 44
Oranienburg	32	43	50	2	0	127	3.35	38, 27, 2, 43, 46, 39, 19, 29, 14, 17
Derby	14	4	0	66	0	84	2.21	38, 24, 2, 44, 41, 13, 17, 32
Infantis	4	35	7	36	0	82	2.16	24, 18, 2, 34, 44, 28, 29, 41, 46, 13, 40
Ohio	0	67	0	2	0	69	1.82	34, 13
Havana	2	8	0	49	0	59	1.55	24, 44, 13
Reading	0	13	0	38	0	51	1.34	44, 46, 40
Albany	1	15	0	29	0	45	1.18	27, 44, 46,
Saintpaul	11	0	27	6	0	44	1.16	27, 2, 28, 14, 13, 17, 18
Arizonae	24	0	0	1	12	37	0.97	30, 35, 36
Adelaide	0	13	0	23	0	36	0.95	44, 41, 40
Give	16	0	17	2	0	35	0.92	27, 2, 28, 14, 1, 29
Wourthington	0	0	0	30	0	30	0.79	46, 13
Seftenberg	15	0	1	11	0	27	0.71	2, 28, 13, 17, 32, 40
Newport	3	11	4	4	0	22	0.58	27, 2, 46, 34, 28, 44
Minnesota	9	0	8	3	0	20	0.52	27, 2, 28, 29, 13
Typhi	0	0	6	11	3	20	0.52	4, 32, 36, 21
Muenchen	4	9	0	5	0	18	0.47	27, 2, 46, 44
Weltevreden	9	0	7	0	1	17	0.44	39, 27, 28, 14
Choleraesuis	3	0	0	2	12	17	0.44	2, 35, 40, 36
London	1	0	0	15	0	16	0.42	2, 32
Hadar	12	0	0	0	0	12	0.31	2
Sandiego	9	0	3	0	0	12	0.31	38, 24, 28, 14
Braenderup	5	0	1	6	0	12	0.31	38, 28, 47
Poona	5	0	7	0	0	12	0.31	18, 2, 28, 18

Stanleyville	0	3	1	7	0	11	0.29	44, 39, 46
Muenster	1	0	5	4	0	10	0.26	24, 28, 41
Brandenburg	3	0	0	6	0	9	0.23	2, 46
Gallinarum	0	0	0	1	8	9	0.23	35, 36
Bredeney	1	0	0	7	0	8	0.21	24, 17, 40
Heidelberg	7	0	0	0	0	7	0.18	2
Duesseldorf	6	0	0	0	0	6	0.16	2
Bovismorfi- cans	2	0	2	2	0	6	0.16	2, 28, 17
Kentucky	4	0	0	2	0	6	0.16	24, 2, 10
Azteca	0	0	0	6	0	6	0.16	41
Cerro	0	0	0	6	0	6	0.16	46
Lomita	0	0	0	6	0	6	0.16	32
Cannstatt	0	0	0	6	0	6	0.16	46, 32
Panama	0	6	0	0	0	6	0.16	44
Montevideo	2	0	4	0	0	6	0.16	27, 2, 28
Luciana	3	0	2	0	0	5	0.13	27, 28
Pomona	0	0	5	0	0	5	0.13	28
Houtenae	0	0	0	1	4	5	0.13	35
Vejle	0	0	4	0	0	4	0.10	39
Javiana	1	0	2	1	0	4	0.10	27, 28, 32
Edimburg	0	0	0	1	3	4	0.10	35, 36
Tennessee	2	0	0	1	0	3	0.08	2, 32
Soahanina	2	0	1	0	0	3	0.08	27, 28
Schwarzen- grund	0	0	0	3	0	3	0.08	13
Acquatoria	0	0	0	3	0	3	0.08	13
Suberu	0	0	3	0	0	3	0.08	39
Urbana	0	0	3	0	0	3	0.08	39
Paratyphi	0	0	3	0	0	3	0.08	4
Degania	2	0	0	0	0	2	0.05	30
Binza	0	0	0	2	0	2	0.05	13
Tonev	0	0	1	1	0	2	0.05	39
Salamae	0	0	0	0	2	2	0.05	36
Sundsvall	0	0	2	0	0	2	0.05	28
Galiema	0	0	2	0	0	2	0.05	39
Othmarshem	0	0	2	0	0	2	0.05	39
Soerenga	0	0	2	0	0	2	0.05	39
Gaminara	1	0	0	0	0	1	0.03	27
Cayar	1	0	0	0	0	1	0.03	27
Rubislaw	1	0	0	0	0	1	0.03	24
Shamba	1	0	0	0	0	1	0.03	30

Selby	1	0	0	0	0	1	0.03	30
Bere	1	0	0	0	0	1	0.03	30
Bunnik	1	0	0	0	0	1	0.03	30
Drypool	0	0	0	1	0	1	0.03	17
Newlands	0	0	0	1	0	1	0.03	17
Winnipeg	0	0	0	1	0	1	0.03	39
Pullorum	0	0	0	0	1	1	0.03	36
Bongor	0	0	0	0	1	1	0.03	36
Kiambu	0	0	1	0	0	1	0.03	28
Texas	0	0	1	0	0	1	0.03	28
Amherstiana	0	0	1	0	0	1	0.03	39
Augusten- burg	0	0	1	0	0	1	0.03	39
Breda	0	0	1	0	0	1	0.03	39
Bulovka	0	0	1	0	0	1	0.03	39
Coeln	0	0	1	0	0	1	0.03	39
Corvallis	0	0	1	0	0	1	0.03	39
Djugu	0	0	1	0	0	1	0.03	39
Nchanga	0	0	1	0	0	1	0.03	39
Nitra	0	0	1	0	0	1	0.03	39
Stanley	0	0	1	0	0	1	0.03	39
Others	612	187	43	711	76	1,629	41.27	12, 27, 24, 30, 38, 2, 46, 28, 18, 14, 39, 4, 24, 37, 20, 35, 5, 39, 8, 10, 32, 42, 40, 20, 31, 36, 1, 22, 15, 9, 16, 3, 47, 25

*1. Acedo-Félix *et al.*, 2009; 2. Alaniz-de la O *et al.*, 1999; 3. Alcázar-Montañez *et al.*, 2006; Becerra-Tapia & Botello, 1995; 5. Bello-Pérez *et al.*, 1990; 6. Benavides-Plasencia *et al.*, 2005; 7. Bessudo *et al.*, 1973; 8. Camacho *et al.*, 2010; 9. Cerna-Cortes *et al.*, 2013; 10. Charles-Hernández *et al.*, 2007; 11. Chávez-de la Peña *et al.*, 2001; 12. Cueto-Medina *et al.*, 2015; 13. Escartin *et al.*, 1999; 14. Estrada-Acosta *et al.*, 2014; 15. Estrada-García *et al.*, 2004; 16. Félix-Fuentes *et al.*, 2005; 17. Fernández-Escartín & Torres, 1996; 18. Figueroa *et al.*, 2005; 19. Gallegos-Robles *et al.*, 2008; 20. Gallegos-Robles *et al.*, 2009; 21. García-Gómez *et al.*, 2002; 22. Gómez-Aldapa *et al.*, 2014; 23. González-Cortés *et al.*, 1974; 24. Grabert, 1968; 25. Hernández *et al.*, 2007; 26. Hernández-Domínguez *et al.*, 2008; 27. Jiménez *et al.*, 2011; 28. Jiménez *et al.*, 2014; 29. López-Cuevas *et al.*, 2009; 30. Martínez *et al.*, 1999; 31. Morales-Hernández *et al.*, 2009; 32. Nayarit-Ballesteros *et al.*, 2016; 33. Olarte & Galindo, 1973; 34. Paniagua-Contreras *et al.*, 2008; 35. Quiñonez-Ramírez *et al.*, 2000; 36. Quiroz-Santiago *et al.*, 2009; 37. Rubio *et al.*, 2013; 38. Silva-Hidalgo *et al.*, 2012; 39. Simental & Martínez-Urtaza, 2008; 40. Talavera *et al.*, 2011; 41. Torres *et al.*, 2011; 42. Varela-Guerrero *et al.*, 2013; 43. Vázquez-Garcidueñas *et al.*, 2014; 44. Zaidi *et al.*, 2006; 45. Zaidi *et al.*, 2007; 46. Zaidi *et al.*, 2008; 47. Zaidi *et al.*, 2012.

the pathogen that include the biofilm formation and antimicrobial resistance in *Salmonella* clones can deal in favorable conditions for the establishment, persistence and dispersion of bacterium in ecological niches (Angulo *et al.*, 2004; Ledebøer & Jones, 2005; Akil *et al.*, 2014).

Climate change

Climate change is defined as the variation of the earth's weather over an extended period of time, which is related to natural events or direct/indirect human activities, affecting the parameters of temperature, rainfall and cloudiness (WHO, 2018b). The atmosphere is composed of various gases, which contribute to maintain solar heat around the earth, dealing in the suitability of the planet. Among these gases are carbon dioxide, nitrous oxide and methane, which are called greenhouse gases and their levels have been increasing due to different anthropogenic activities. One of these gases, CO₂, is the one that most traps heat in the lower layers of the atmosphere, this has generated an increase of 0.85 °C in the average temperature of the planet in the last century, allowing global warming to occur and concomitant to climate change (WHO, 2018b).

Human health can be severely affected by climate change by its influence on the interaction between human and pathogens, since different climatic phenomena can promote the occurrence of airborne, foodborne and waterborne infections associated with pathogenic microorganisms, especially between regions and susceptible populations (Wu *et al.*, 2016). This has been evidenced by Akil *et al.*, (2014) and Jiang *et al.*, (2015) who report that concomitantly high temperatures and rainfall intensity are factors that have a direct relationship with the increase of outbreaks associated with pathogens such as *Salmonella*.

This kind of climatic variations has showed a direct impact in some regions of the Mexican territory, since climatic events as hurricanes are more frequent and intense, and generate serious floods, especially in zones located near the Atlantic Ocean and the Northeastern coastal areas (CONAGUA, 2013). An example of this are the high incidence of typhoid fever in states such as Sinaloa and Tamaulipas (DGE, 2017) and paratyphoid/ other salmonellosis in Chiapas, Veracruz and Tabasco; these states have similar temperature and rainfall and are hit by cyclones and hurricanes (CONAGUA 2013;

de *Salmonella*, generan una condición propicia para el establecimiento, persistencia y dispersión de la bacteria en nichos ambientales (Angulo *et al.*, 2004; Ledebøer & Jones, 2005; Akil *et al.*, 2014).

Cambio climático

El cambio climático se define como la variación del clima en la tierra durante un lapso extendido de tiempo, que se atribuye a causas naturales o a la actividad humana de manera directa o indirecta, afectando los parámetros de temperatura, precipitaciones y nubosidad. (WHO, 2018b). La atmósfera está compuesta por diversos gases, los cuales retienen el calor del sol alrededor de la tierra, haciéndola un planeta habitable. Entre estos gases se encuentran el dióxido de carbono, el óxido nitroso y el metano, que son llamados gases de efecto invernadero y sus niveles han ido en aumento debido a distintas actividades antropogénicas. Uno de estos gases, el CO₂, es el que más atrapa calor en las capas inferiores de la atmósfera, esto ha generado un aumento de 0.85 °C en la temperatura media del planeta en el último siglo, permitiendo que se produzca el calentamiento global y concomitante al cambio climático (WHO, 2018b).

La salud humana puede verse seriamente afectada por el cambio climático en términos de su influencia en la interacción entre humanos y patógenos, ya que distintos fenómenos climáticos pueden promover la aparición de infecciones asociadas a microorganismos transmitidos por el aire, por vectores o por el agua, especialmente entre regiones y poblaciones susceptibles (Wu *et al.*, 2016). Esto ha sido evidenciado por Akil *et al.*, (2014) y Jiang *et al.*, (2015) quienes reportan que de manera concomitante las altas temperaturas y la intensidad de lluvias son factores que tienen una relación directa con el aumento de brotes asociados a patógenos como *Salmonella*.

Esta dinámica climatológica ha tenido un impacto directo en algunas regiones del territorio mexicano, ya que los eventos climáticos como huracanes, son más frecuentes y más intensos, y generan graves inundaciones, especialmente en las zonas ubicadas cercanas al Océano Atlántico y la parte costera al Norte del país (CONAGUA, 2013). Ejemplo de ello son los elevados casos de fiebre tifoidea en estados como Sinaloa y Tamaulipas (DGE, 2017) y paratifoidea/ otras salmonelosis en Chiapas, Veracruz y Tabasco; estos estados tienen temperaturas y precipitación pluvial similar y son azotados por ciclones y huracanes (CONAGUA, 2013; INEGI, 2017), siendo los meses de marzo a octubre donde

INEGI, 2017), being the months of march to October where the greatest number of cases of salmonellosis (DGE, 2017).

These data concur with the geographical distribution of typhoid fever, placing it in developing countries, which converge geo-spatially in the tropic of cancer, having a tropical climate (Lee *et al.*, 2016). However, although Mexico is located within this tropical climate, its territory is divided by microclimates, which are distinguished by unique environmental characteristics offering specific niches, which can signify a challenge to overcome during the environmental phase of any microorganism.

The diversity of microclimates and their effect on the presence of pathogens such as *Salmonella* are exposed in contrasting studies such as those by Simental & Martínez-Urtaza (2008) and Jiménez *et al.*, (2014) who showed the influence of the geographical and seasonal distribution; the first associating *Salmonella* with periods of rain in places such as Bahía de Todos Santos, Baja California, Mexico; while the second, detecting the bacteria consistently regardless of the season of the year in rivers of Sinaloa. The divergence between these two studies may be due to differences in microclimates in these regions, due to the ecoregions in which the two states are located, identifying the California-Mediterranean for the case of Baja California and the warm-dry forests for Sinaloa (INEGI, 2017).

To face climate change it is necessary the effort and joint coordination of the government, civil society and the health sector to formulate strategies and sensitize the population to minimize global warming and its secondary effects, as well as to establish timely strategies for the prevention of infectious diseases. This mainly as a result of the increasing world population, since only Mexico has a little more than 112 million inhabitants (INEGI, 2017), leading to the intensification of the adverse effects of climate change, since anthropogenic activities are a main cause of this phenomenon.

Biofilm formation

Once released in the environment, *Salmonella* is exposed to non-host conditions, which can induce the bacterium to activate adaptation mechanisms (Winfield & Groisman, 2003, Martínez-Urtaza *et al.*, 2004). One of the most common mechanisms of adaptation used by bacteria in the environment, is the formation of

se presenta el mayor número de casos de salmonellosis (DGE, 2017).

Estos datos concuerdan con la distribución geográfica de fiebre tifoidea ubicándola en países en vías de desarrollo, los cuales convergen geo-espacialmente en el trópico de cáncer, y cuentan con un clima tropical (Lee *et al.*, 2016). Sin embargo, aunque México se encuentre ubicado dentro de esta franja de clima tropical, su territorio es dividido por ecorregiones, que se distinguen por características medio-ambientales únicas de cada ecorregión que pueden ofrecer nichos específicos que pueden representar un reto a superar para cualquier microorganismo durante su fase ambiental.

La diversidad de microclimas y su efecto sobre la presencia de patógenos como *Salmonella*, son expuestos en trabajos contrastantes como los de Simental & Martínez-Urtaza (2008) y Jiménez *et al.*, (2014) quienes evidencian la influencia que marcan la distribución geográfica y estacional; los primeros asociando a *Salmonella* a periodos de lluvia en sitios como Bahía de Todos Santos, Baja California, México; mientras los segundos, detectando a la bacteria de manera consistente independientemente de la estación del año en ríos de Sinaloa. La divergencia entre estos dos estudios puede ser debido a las diferencias en microclimas en estas regiones, debidos a las ecorregiones en los que se ubican los dos estados, identificando el California-mediterránea para el caso de Baja California y el de selvas cálidas-secas para Sinaloa (INEGI, 2017).

Para enfrentar el cambio climático es necesario el esfuerzo y coordinación conjunta del gobierno, sociedad civil y sector salud para formular estrategias y sensibilizar a la población para minimizar el calentamiento global y sus efectos secundarios, así como establecer oportunamente estrategias de prevención de enfermedades infecciosas. Esto principalmente como resultado del incremento de la población mundial, ya que tan solo México cuenta con un poco más de 112 millones de habitantes (INEGI, 2017), lo que lleva a la intensificación de los efectos adversos del cambio climático, ya que las actividades antropogénicas son una causa principal de este fenómeno.

Formación de biopelículas

Una vez que *Salmonella* es liberada al ambiente, enfrenta condiciones no hospedantes que inducen a la bacteria a activar mecanismos de adaptación (Winfield & Groisman, 2003; Martínez-Urtaza *et al.*, 2004). Uno de los mecanismos de adaptación más utilizados por bacterias

biofilms, which are bacterial associations surrounded by polymeric matrix adhered to living or non-living surfaces (Costerton *et al.*, 1999), and can be formed in three interfaces: liquid-air, solid-air and solid-liquid (Constantin, 2009; Steenackers *et al.*, 2012). These structures confer protection against stressful or hostile environmental factors, besides representing a source of constant and persistent bacterial dissemination (Donlan & Costerton, 2002; Jensen *et al.*, 2010). *Salmonella* biofilms are constituted by water (70-97 %), nucleic acids, exopolysaccharides such as cellulose and colanic acid, as well as proteins fimbria curli and BapA (Steenackers *et al.*, 2012). Several studies have shown that bacteria, depending on environmental conditions and the surface where they adhere, produce different exopolysaccharides and proteins as components of the biofilm matrix, resulting in a different composition those biofilms formed in animal tissues, plants or inert surfaces (glass, plastic, stainless steel) (Costerton *et al.*, 1999; Boddicker *et al.*, 2002; Steenackers *et al.*, 2012). Undoubtedly, the formation of biofilms in any space (environment, host) where it is formed, improves the ability of *Salmonella* to survive (Ledeboer & Jones, 2005).

In this sense, in Mexico Medrano-Félix *et al.* (2018a) demonstrated that the capacity of environmental *Salmonella* serotypes prevalent in an agricultural region to develop biofilms in the liquid-air interface depends on the levels of pH and salinity of water. Silva-Hidalgo *et al.*, (2016) detected the *bapA* gene in serovars of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* isolated of animals in captivity, highlighting the importance of this gene in the conformation of biofilms and how it favors the resistance of this bacterium in natural habitats. Other studies demonstrated the biofilm forming ability of *Salmonella* Poona and Michigan in bark cantaloupe (Annous *et al.*, 2005) and *Salmonella* Typhimurium and Javiana in cactus (*Opuntia ficus-indica*), water and soil (De los Santos *et al.*, 2012) showing an increase in the resistance of this pathogen to disinfectants. The joint analysis of these works exhibits the life cycle of *Salmonella* wrapped by the protection of these survival structures that allow it to remain viable when exposed to different scenarios. Although these are efforts to explain the role of exopolymeric matrices in the biology of *Salmonella* strains circulating in the country, there is still a need to widen the studies in this topic for a better understanding on how predominant environmental factors in Mexico regulate and influence the formation/

es la formación de biopelículas, que son asociaciones bacterianas rodeadas por una matriz polimérica adheridas a superficies vivas o inertes (Costerton *et al.*, 1999), y pueden ser formadas en tres interfases: líquido-aire, sólido-aire y sólido-líquido (Constantin, 2009; Steenackers *et al.*, 2012). Estas estructuras confieren protección contra factores ambientales estresantes u hostiles, además de representar una fuente constante y persistente de diseminación bacteriana (Donlan & Costerton, 2002; Jensen *et al.*, 2010). Las biopelículas de *Salmonella* están constituidas por agua (70-97 %), ácidos nucleicos, exopolisacáridos como celulosa y ácido colánico, así como proteínas tipo fimbria curli y BapA (Steenackers *et al.*, 2012). Varios estudios han demostrado que las bacterias, dependiendo de las condiciones ambientales y la superficie donde se adhieren, producen distintos exopolisacáridos y proteínas como componentes de la matriz de la biopelícula, siendo distintas las composiciones de las biopelículas formadas en tejidos animales, plantas o superficies inertes (vidrio, plástico, acero inoxidable) (Costerton *et al.*, 1999; Boddicker *et al.*, 2002; Steenackers *et al.*, 2012). Pero indudablemente, la formación de biopelículas en cualquier espacio (ambiente, hospedero) en donde sea formada, mejora la capacidad de *Salmonella* para sobrevivir (Ledeboer & Jones, 2005).

En este sentido, en México Medrano-Félix *et al.* (2018a) demostraron que la capacidad de serotipos de *Salmonella* ambientales prevalentes en una región agrícola para desarrollar biopelículas en la interfase líquido-aire, depende de los niveles de pH y la salinidad del agua. Silva-Hidalgo *et al.*, (2016) detectaron el gen *bapA* en serovares de *Salmonella enterica* subsp. *enterica* aislados de animales en cautiverio, resaltando la importancia de este gen en la conformación de biopelículas y como ello favorece la resistencia de esta bacteria en hábitats naturales. Otros estudios demostraron la capacidad de *Salmonella* Poona y Michigan para formar biopelículas en cortezas de melón cantaloupe (Annous *et al.*, 2005) y *Salmonella* Typhimurium y Javiana en cladodios de nopal (*Opuntia ficus-indica*), agua y suelo (De los Santos *et al.*, 2012) mostrando un aumento en la resistencia de este patógeno a los desinfectantes. El análisis en conjunto de estos trabajos exhibe el ciclo de vida de *Salmonella* envuelto por la protección de estas estructuras de sobrevivencia que le permiten permanecer viable ante la exposición en diferentes escenarios. Si bien estos son un esfuerzo para explicar el rol de las matrices exopoliméricas en la biología de las variantes de *Salmonella* que circulan en el país, aún falta ahondar y ampliar el estudio en este tema y conocer

composition of biofilms, and whether these interaction potentiate the success to reaching a new host.

Antimicrobial resistance (AMR)

AMR is the ability of microorganisms to prevent antibiotics from acting against them (WHO, 2016). One of the main causes that detonate resistance to antimicrobials is their indiscriminate use (Angulo *et al.*, 2004). The success of AMR bacteria is due to the ability to mutate and exchange genetic material between different bacterial species.

A significant number of research groups have focused their efforts on characterizing the different levels of resistance that may occur in different *Salmonella* serotypes ranging from uni-resistance to multiple resistance to antibiotics such as ampicillin, chloramphenicol, streptomycin, sulfonamides and tetracycline (Bessudo *et al.*, 1973; Olarte & Galindo, 1973; González-Cortés *et al.*, 1974; Alaniz-de la O *et al.*, 1996; Miranda *et al.*, 2009; Camacho *et al.*, 2010; Talavera *et al.*, 2011; Jiménez *et al.*, 2011; Pérez-Montaña *et al.*, 2012; Nayarit-Ballesteros *et al.*, 2016; Aguilar-Montes de Oca *et al.*, 2017), all of these drugs are used as first-line therapy in the treatment of conditions caused by *Salmonella*.

This was exposed in a case study of a gastrointestinal outbreak due to *Salmonella* Oranienburg, which occurred in a Mexican prison, where a high diversity of resistance patterns was observed (17 AMR profiles), among which resistance to ampicillin, carbenicillin and cephalothin was predominantly found (Vázquez-Garcidueñas *et al.*, 2014). AMR is not limited to pathogenic serotypes typical of humans, which are commonly exposed to antimicrobials, but is also observed in strains that predominate in non-host environments, as described by López-Cuevas *et al.*, (2009) who detected a high resistance to tetracycline in *Salmonella* Typhimurium (12/13) isolated from water in the valley of Culiacán, Sinaloa. Subsequently, Lugo-Melchor *et al.*, (2010), after more detailed studies of these strains by means of PCR and PFGE, identified the *tet(A)* gene (which confers tetracycline resistance) in the Tn1721 transposon in the genomic DNA. The development of AMR in *Salmonella* during its passage through the environment can be mediated by genetic changes promoted by the exposure of bacterial populations to drugs used in an intensive and indiscriminate manner in both agricultural and livestock activities.

de qué manera los factores ambientales predominantes en México regulan e influyen en la formación/composición de las biopelículas, y si éstas fungen como un catalizador en el éxito de alcanzar a un nuevo hospedero.

Resistencia a antimicrobianos (AMR)

La RAM es la habilidad de los microorganismos para evitar que los antibióticos actúen contra ellos (WHO, 2016). Una de las principales causas que detonan la resistencia a los antimicrobianos, es su uso indiscriminado (Angulo *et al.*, 2004). El éxito de bacterias con AMR es debido a su capacidad de mutar e intercambiar material genético entre diferentes especies bacterianas.

Un número importante de grupos de investigación han enfocado sus esfuerzos a caracterizar los diferentes niveles de resistencia que pueden presentar diversos serotipos de *Salmonella* que van desde uni-resistencia hasta resistencia múltiple a antibióticos como ampicilina, cloranfenicol, estreptomycin, sulfonamidas y tetraciclina (Bessudo *et al.*, 1973; Olarte & Galindo, 1973; González-Cortés *et al.*, 1974; Alaniz-de la O. *et al.*, 1996; Miranda *et al.*, 2009; Camacho *et al.*, 2010; Talavera *et al.*, 2011; Jiménez *et al.*, 2011; Pérez-Montaña *et al.*, 2012; Nayarit-Ballesteros *et al.*, 2016; Aguilar-Montes de Oca *et al.*, 2017), siendo todos estos fármacos de primera elección en el tratamiento de padecimientos ocasionados por *Salmonella*.

Lo anterior fue expuesto en un estudio de caso de un brote gastrointestinal por *Salmonella* Oranienburg ocurrido en una prisión mexicana, donde se observó una alta diversidad de patrones de resistencia (17 perfiles AMR), entre los que se encontraron predominantemente las resistencias a ampicilina, carbenicilina y cefalotina (Vázquez-Garcidueñas *et al.*, 2014). La AMR no se limita a serotipos patógenos típicos del humano, los cuales se exponen comúnmente a antimicrobianos, sino que se observa también en cepas que predominan en ambientes no hospederos, tal como lo describen López-Cuevas *et al.*, (2009) quienes detectaron una alta resistencia a tetraciclina en *Salmonella* Typhimurium (12/13) aislada de agua en el valle de Culiacán, Sinaloa; más tarde Lugo-Melchor *et al.*, (2010), tras estudios más detallados de estas cepas empleando PCR y PFGE, identificó el gen *tet(A)* (que confiere resistencia a tetraciclina) en el transposón Tn1721 en el DNA genómico. El desarrollo de AMR en *Salmonella* durante su paso por el ambiente, puede ser mediado por cambios genéticos promovidos por la exposición de las poblaciones bacterianas a fármacos utilizados de manera

Due to the challenge that bacterial control through the use of drugs implies today, it is necessary to find alternatives that are available to the entire population and that guarantee lasting protection to reduce the use of antibiotics and their adverse effects, generating alternative lines of research, such as bacteriophages (widely used as biological control and phage therapy) or the development of vaccines for other serotypes other than *Salmonella* Typhi.

Diversity of *Salmonella* in non-host environments

The occurrence of non-typhoidal salmonellosis cases in humans is traditionally related to the consumption of animal origin products contaminated with *Salmonella* (WHO, 2018a); however, the number of outbreaks associated with the consumption of fresh produce has increased in recent years (CDC, 2018b). Animal excretion constitutes the main route for enteric pathogens release from the host to the environment. These wastes may contaminate rivers, lakes and other wetlands when deposited directly into water bodies; other deposition vias are rainfall runoff and anthropogenic activities such as agriculture and cattle raising; or their release through drainage outlets from cities and other human settlements. This is the reason why water is considered an important vehicle for the dispersion of *Salmonella* in the environment (Winfield & Groisman, 2003).

Knowing the mechanisms and understanding the dispersion dynamics of *Salmonella* in the environment requires meticulous studies that reconstruct the historical spreading of the microorganism through time and space, considering both geographic areas and sources of isolation, along with the diversity profiles of *Salmonella* populations and establishing the specific role played by each of the factors during *Salmonella* passage from the environment to the next host. As the knowledge about these processes and biological interactions is deepened, the design and implementation of efficient strategies for the prevention, diagnosis and control of *Salmonella* will be improved, with the aim of avoiding epidemiological outbreaks and minimizing the impact of *Salmonella* on public health.

Next, we describe the *Salmonella* diversity found by different authors in a variety of matrices such as water,

intensiva e indiscriminada tanto en actividades agrícolas como pecuarias.

Debido al reto que el control bacteriano mediante el uso fármacos implica hoy en día, es necesario encontrar alternativas, que estén disponibles para toda la población y que garanticen una protección duradera, para disminuir el uso de antibióticos y sus efectos adversos, generando líneas alternas de investigación, como son los bacteriófagos (ampliamente utilizados como control biológico y fagoterapia) o el desarrollo de vacunas para otros serotipos diferentes a *Salmonella* Typhi.

Diversidad de *Salmonella* en ambientes no hospederos

La aparición de casos de salmonelosis no tifoidea en humanos se relaciona tradicionalmente con el consumo de productos de origen animal contaminados con *Salmonella* (WHO, 2018a); sin embargo, en los últimos años ha aumentado el número de brotes asociados con el consumo de productos frescos (CDC, 2018b). La excreción de animales portadores constituye la principal ruta de liberación de patógenos entéricos del hospedero hacia el ambiente. Estos desechos, pueden contaminar ríos, lagos y otros humedales al ser depositados directamente en los cuerpos de agua; otras vías de deposición son el arrastre resultado de precipitaciones y/o de actividades antropogénicas como agricultura y ganadería; o por su liberación a través de las desembocaduras de drenajes provenientes de ciudades u otros asentamientos humanos. Por ello, se considera al agua como un importante vehículo para la dispersión de *Salmonella* en el ambiente (Winfield & Groisman, 2003).

Conocer los mecanismos y entender las dinámicas de dispersión de *Salmonella* en el ambiente requiere de estudios minuciosos que reconstruyan la dispersión histórica del microorganismo por el tiempo y espacio, considerando tanto zonas geográficas como fuentes de aislamiento, estudiando los perfiles de diversidad de poblaciones de *Salmonella* y estableciendo el papel específico que juega cada uno de los factores durante el paso de *Salmonella* del ambiente hacia a un nuevo hospedero. Conforme se logre profundizar en estos procesos e interacciones biológicas, se mejorará el diseño e implementación de estrategias eficientes para la prevención, diagnóstico y control de *Salmonella*, con el objetivo de evitar brotes epidemiológicos y minimizar el impacto de *Salmonella* en la salud pública.

surfaces and food, as well as their possible implications in the dissemination of the bacterium.

Water, soil and inert surfaces

Non-treated irrigation water and soils enriched with compost are considered the main sources of contamination that may cause the loss of food safety. Water is a vehicle that can magnify point contamination and generate *Salmonella* dispersion in a large extent (Martínez-Urtaza *et al.*, 2004; Levantesi *et al.*, 2012).

The presence of *Salmonella* in irrigation water is part of deficient agricultural and manufacturing practices that can increase the likelihood of contaminating food in agricultural packinghouses or even the production in the field. Studies on the safety of melon, pepper, tomato and cilantro in the Mexican states of Coahuila, Michoacán, Guerrero, Sinaloa and Sonora agree that irrigation water is a vehicle for *Salmonella* contamination (Gallegos-Robles *et al.*, 2008; Figueroa *et al.*, 2005; Hernández-Domínguez *et al.*, 2008; López-Cuevas *et al.*, 2009; Acedo-Félix *et al.*, 2009; Morales-Hernández *et al.*, 2009; Estrada-Acosta *et al.*, 2014). The diversity of serotypes found in these studies can be attributed to the fact that water bodies are outdoors, so the incorporation of *Salmonella* species is multifactorial including wastewater (industrial or domestic), wild animals feces (mammals, reptiles and birds) as well as floods and runoff promoting eutrophication processes, which is beneficial for the microorganism (Simental and Martínez-Urtaza, 2008; Jiménez *et al.*, 2014).

In Mexico, the most common *Salmonella* serotypes isolated from water, crop soil and packaging surfaces are Oranienburg, Typhimurium, Saintpaul, Anatum and Give, of which the main sources of isolation were river water, irrigation channels and streams. The isolation of these serotypes involved the use of several techniques, such as Polymerase Chain Reaction (PCR), serotyping (Figueroa *et al.*, 2005; Simental & Martínez-Urtaza, 2008; Hernández-Domínguez *et al.*, 2008; Morales-Hernández *et al.*, 2009; López-Cuevas *et al.*, 2009), Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP) (Gallegos-Robles *et al.*, 2008), and Pulsed-Field Gel Electrophoresis (PFGE), aiming the diversity establishment based on genetic relationships between isolates from different sources, incorporating geo-referencing in order to obtain differential geographic

A continuación, se describe la diversidad de *Salmonella* encontrada por distintos autores en una variedad de matrices como agua, superficies y alimentos, así como sus posibles implicaciones en la diseminación de la bacteria.

Agua, suelo y superficies inertes

El agua de irrigación no tratada y los suelos incorporados con compostas son considerados las principales fuentes de contaminación que causan la pérdida de inocuidad alimentaria. El agua es un vehículo que puede magnificar la contaminación puntual y generar una gran dispersión de *Salmonella* (Martínez-Urtaza *et al.*, 2004; Levantesi *et al.*, 2012).

La presencia de *Salmonella* en agua de riego, forma parte de una serie de prácticas agrícolas y de manufactura deficientes, que puede aumentar la probabilidad de contaminar los alimentos en empaques agrícolas e incluso desde su producción en el campo. Estudios sobre la inocuidad de melón, chile, tomate y cilantro en los estados de Coahuila, Michoacán, Guerrero, Sinaloa y Sonora coinciden en que el agua de riego constituye un vehículo de contaminación por *Salmonella* (Gallegos-Robles *et al.*, 2008; Figueroa *et al.*, 2005; Hernández-Domínguez *et al.*, 2008; López-Cuevas *et al.*, 2009; Acedo-Félix *et al.*, 2009; Morales-Hernández *et al.*, 2009; Estrada-Acosta *et al.*, 2014). La diversidad de serotipos encontrados en estos estudios puede atribuirse al hecho de que los cuerpos de agua están al aire libre, por lo que la incorporación de especies de *Salmonella* es multifactorial incluyendo aguas residuales (industriales o domésticas), heces de animales silvestres mamíferos, reptiles y aves), así como inundaciones y escorrentías promoviendo procesos de eutrofización benéficos para el microorganismo (Simental & Martínez-Urtaza, 2008; Jiménez *et al.*, 2014).

En México, los serotipos más comunes de *Salmonella* aislados de agua, suelo de cultivo y superficies de empaques son Oranienburg, Typhimurium, Saintpaul, Anatum y Give, de los cuales las principales fuentes de aislamiento son agua de río, canales de riego y arroyos. El aislamiento de estos serotipos involucró el uso de diversas técnicas, tales como reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés), serotipificación (Figueroa *et al.*, 2005; Simental & Martínez-Urtaza, 2008; Hernández-Domínguez *et al.*, 2008; Morales-Hernández *et al.*, 2009; López-Cuevas *et al.*, 2009), polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción (RFLP, por sus siglas en inglés) (Gallegos-Robles *et al.*, 2008), así como análisis de electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE, por sus siglas en inglés), que buscaban establecer la diversidad con

patterns (Estrada-Acosta *et al.*, 2014; Jiménez *et al.*, 2014). In these last two studies, the existing intraserotype diversity in an ecological niche was evidenced, reaching up to 22 different profiles from a population of 58 strains comprised of seven serotypes; while some profiles showed to be exclusive of a particular point, some others were distributed in different points of that space.

Although, the PFGE technique was a standard widely used by the CDC and contributed to the knowledge establishing the microbial genetic diversity based on its scope, nowadays according to the current requirements, this tool does not suffice in order to discriminate and establish a reliable temporal-space relationship among strains, because of limited capacity to distinguish between two closely genetically related individuals. This is the reason is why we suggest the use of more modern and efficient strategies such as Whole Genome Sequencing.

Metabolic flexibility is among the survival abilities that *Salmonella* employs when in the environment, since it has been shown that once this pathogen incorporates into water bodies it is not limited by the scarcity and type of available carbon sources. Medrano-Félix *et al.*, (2018b) reported the ease of adaptation of clinical origin *Salmonella* serotypes by consuming a wide variety of carbon sources. Similarly, environmental serotypes showed greater metabolic activity, but the carbon sources diversity used was narrow; besides a higher effect in adhesion, invasion and cell viability was observed, when tested in epithelial cells demonstrating a greater pathogenic capacity (Estrada-Acosta *et al.*, 2017). These findings suggest the study and surveillance of *Salmonella* should not be limited to human-specific serotypes.

On the other hand, studies of comparative genomics between *Salmonella* isolates obtained from surface water samples and feces from asymptomatic domestic animals showed that the genetic diversity among the different isolates is minimal, suggesting a close relationship between local isolates from both sources, and providing evidence that supports the theory that animals are an important source for *Salmonella* contamination to water bodies and that they, in turn, help in the transmission of the bacteria to new hosts (Jiménez *et al.*, 2011; 2014).

base a las relaciones genéticas entre aislados de distintas fuentes, incorporando la georeferenciación para obtener patrones geográficos diferenciales (Estrada-Acosta *et al.*, 2014; Jiménez *et al.*, 2014). En estos dos últimos estudios, se vislumbró la diversidad intraserotipo que puede existir en un nicho ecológico, llegando a obtener hasta 22 perfiles diferentes de una población de 58 cepas comprendida de siete serotipos; mientras que algunos perfiles mostraban ser exclusivos de un punto en particular, algunos otros se encontraban distribuidos en diversos puntos de ese espacio.

Si bien, la técnica de PFGE fue un estándar utilizado ampliamente por la CDC, y contribuyó al conocimiento estableciendo la diversidad genética microbiana con base a su alcance, de acuerdo a los estándares actuales, esta herramienta no es suficiente para discriminar y establecer relaciones microbianas espacio-temporal confiables debido a su capacidad limitada para distinguir entre dos individuos estrechamente relacionados genéticamente. Esta es la razón por lo que se sugiere el uso de estrategias más modernas y eficientes como la secuenciación de genomas completos.

Entre las habilidades que *Salmonella* emplea para sobrevivir se encuentra la flexibilidad metabólica, ya que se ha demostrado que una vez que este patógeno se ha incorporado a los cuerpos de agua, no se ve limitado por la escasez y el tipo de fuentes de carbono disponibles. Medrano-Félix *et al.*, (2018b) reportaron la facilidad de adaptación de serotipos de *Salmonella* de origen clínico al consumir una amplia variedad de fuentes de carbono. De igual manera, los serotipos ambientales mostraron una mayor actividad metabólica, pero con una diversidad limitada de fuentes de carbono; además observando un efecto superior en ensayos de adhesión, invasión y viabilidad celular en células epiteliales, demostrando con esto una mayor capacidad patogénica (Estrada-Acosta *et al.*, 2017). Estos hallazgos sugieren que el estudio y vigilancia de *Salmonella* debería no ser limitada a únicamente los serotipos hospedero-específico del humano.

Por otro lado, estudios de genómica comparativa entre aislados de *Salmonella* obtenidos a partir de muestras de agua superficial y de heces de animales domésticos asintomáticos arrojaron que la diversidad genética entre las distintas cepas aisladas son mínimas entre sí, lo que sugiere una relación estrecha entre los aislados locales de ambas fuentes, aportando evidencia que apoya la teoría de que los animales constituyen una fuente importante para la contaminación de los cuerpos de agua con *Salmonella*

Food of plant origin

Irrigation water contaminated with *Salmonella* has been associated with epidemiological outbreaks; this may be caused by inefficient disinfection processes or inadequate hygienic practices (in the field and packaging) resulting in the presence of this microorganism in fresh consumption food (Levantesi *et al.*, 2012). In Mexico, several studies show the presence of *Salmonella* in fresh and processed vegetables, such as lettuce and coriander (García-Gómez *et al.*, 2002), cantaloupe melon and chili (Morales-Hernández *et al.*, 2009; Gallegos-Robles *et al.*, 2008, 2009), tomato (Estrada-Acosta *et al.*, 2014), bean sprouts (Cerna-Cortes *et al.*, 2013), parsley, broccoli, cauliflower, spinach (Quiroz-Santiago *et al.*, 2009), fruit salad (Félix-Fuentes *et al.*, 2005), sauces for tacos (Estrada-García *et al.*, 2004), corn tortillas (Gómez-Aldapa *et al.*, 2013), fresh beet juice (Gómez-Aldapa *et al.*, 2014) among others. Melon, parsley and coriander showed the highest *Salmonella* counts, while Typhimurium, Arizonae, Choleraesuis and Enteritidis were the most prevalent serotypes.

Data shown in these studies are consistent with investigations of outbreaks occurred in the United States from which an 11 % were caused by *Salmonella* serotypes Enteritidis and Typhimurium, being fresh leafy vegetables the food most commonly associated to (Painter *et al.*, 2013; Herman *et al.*, 2015); in addition to these reports, it is necessary to point out that Mexico has been involved in *Salmonella* outbreaks in fresh products such as papaya, cucumber, melon, mango, tomato (CDC, 2018b), therefore, it is necessary to focus more on the study of this pathogen in fresh produce, since the data reported in Mexico are scarce.

Food of animal origin

Domestic animals are the largest reservoirs of *Salmonella*, whose production of meats and derivatives are the most reported vehicles in outbreaks of salmonellosis transmitted by food (WHO, 2018a). Since the 90s, *Salmonella* was isolated in Mexico in 42.76 % of foods of animal origin, mainly of pork, beef and chicken (Charles-Hernández *et al.*, 2007; Zaidi *et al.*, 2006; Hernández *et al.*, 2007; Zaidi *et al.*, 2008; Camacho *et al.*, 2010; Rubio *et al.*, 2013; Varela-Guerrero *et al.*, 2013; Nayarit-Ballesteros *et al.*, 2016), followed by chorizo, longaniza and jerky (Bello-Pérez *et al.*, 1990; Escartin, 1999; Charles-Hernández *et al.*

y que a su vez, ayudan en la transmisión de la bacteria a nuevos hospederos (Jiménez *et al.*, 2011; 2014).

Alimentos de origen vegetal

El agua de riego contaminada con *Salmonella* ha sido asociada a brotes epidemiológicos, lo cual puede ser producto de procesos de desinfección ineficientes y prácticas higiénicas inadecuadas (en campo y empaque), derivando en la presencia de este microorganismo en alimentos de consumo fresco (Levantesi *et al.*, 2012). En México, diversos estudios muestran la presencia de *Salmonella* en vegetales crudos y procesados, tales como lechuga y cilantro (García-Gómez *et al.*, 2002), melón cantaloupe y chile (Morales-Hernández *et al.*, 2009; Gallegos-Robles *et al.*, 2008, 2009), tomate (Estrada-Acosta *et al.*, 2014), germinado de frijol (Cerna-Cortes *et al.*, 2013), perejil, brócoli, coliflor, espinaca (Quiroz-Santiago *et al.*, 2009), ensalada de frutas (Félix-Fuentes *et al.*, 2005), salsas para tacos (Estrada-García *et al.*, 2004), tortillas de maíz (Gómez-Aldapa *et al.*, 2013), jugo de betabel fresco (Gómez-Aldapa *et al.*, 2014), entre otros. El melón, perejil y cilantro presentaron las concentraciones más altas de *Salmonella*, mientras que Typhimurium, Arizonae, Choleraesuis y Enteritidis fueron los serotipos más prevalentes.

La información mostrada en estos estudios concuerda con investigaciones de brotes ocurridos en Estados Unidos de los cuales el 11 % fueron causados por los serotipos de *Salmonella* Enteritidis y Typhimurium, siendo los vegetales de hojas frescas el alimento más comúnmente relacionado a los mismos (Painter *et al.*, 2013; Herman *et al.*, 2015); además de estos reportes es necesario señalar que México se ha visto involucrado en brotes por *Salmonella* en productos frescos tales como papaya, pepino, melón, mango, tomate (CDC, 2018b), por lo que es necesario enfocarse más en el estudio de este patógeno en productos frescos, ya que los datos reportados en México son escasos.

Alimentos de origen animal

Los animales domésticos son los mayores reservorios de *Salmonella*, cuya producción de carnes y derivados son los vehículos mayormente reportados en brotes de salmonellosis transmitidas por alimentos (WHO, 2018a). Desde la década de los 90s, en México se aisló *Salmonella* en un 42.76 % en alimentos de origen animal, principalmente de carne de cerdo, res y pollo (Charles-Hernández *et al.*, 2007; Zaidi *et al.*, 2006; Hernández *et al.*, 2007; Zaidi *et al.*, 2008; Camacho *et al.*, 2010; Rubio *et al.*, 2013; Varela-Guerrero *et al.*, 2013; Nayarit-Ballesteros

al., 2007; Torres et al., 2011). In 2005, Mancera et al., 2005, isolated a low percentage (0.25 %) of *Salmonella* Enteritidis from the egg yolk. This is relevant because the main food product of the Mexican basic basket is the egg and its contamination of origin could mean an important public health risk. Another important source of *Salmonella* is marine products, which are commonly consumed raw. The diversity of *Salmonella* serotypes in fish ceviche (Fernández-Escartín & Torres-Vitela, 1996), clams (Quiñonez-Ramírez et al., 2000) and molluscs (Simental & Martínez-Urtaza, 2008) sold in fixed and mobile establishments shows a higher incidence of this pathogen during the warmer seasons.

For all the above, the contamination of food by *Salmonella* is of paramount importance to the Ministry of Health in Mexico, so there are standards for food control that specify the minimum requirements of good hygiene practices that should be observed in the process of food and its raw materials in order to avoid its contamination. Even with these measures there are a high number of *Salmonella* serotypes in foods of animal origin, evidencing the high risk of consumption of these products under a deficient cooking process.

Diversity of *Salmonella* in host environments

In general *Salmonella enterica* can be found in a variety of vertebrates, including humans, pets, wild animals, calves, poultry, pigs, sheep, wild birds and reptiles (CDC, 2018b). This bacterium is transported asymptotically in the intestine or gallbladder of many animals and excreted continuously or intermittently through the stool (Gunn et al., 2014).

Animals

For more than half a century, *Salmonella* has been reported in animals in Mexico. In this review, animals occupy the second place as a source of isolation (23.42 %) of the bacteria (Table 1), of which cattle (10.14 %), poultry (5.63 %) and swine (3.38 %) had the highest prevalence, followed by sheep, dogs, American cockroaches and iguanas with 2.02, 0.56, 0.33 and 0.11 %, respectively. The main serotypes found were Oranienburg, Anatum, Arizonae and Typhimurium (Grabert, 1968; Figueroa et al., 2005; Jiménez et al., 2011; Cueto-Medina et al., 2015).

On the other hand, studies with animals in captivity have shown the presence of *Salmonella*; Martínez et al.,

et al., 2016), seguido de chorizo, longaniza y cecina (Bello-Pérez et al., 1990; Escartín, 1999; Charles-Hernández et al., 2007; Torres et al., 2011). En el 2005, Mancera et al., 2005, aislaron un bajo porcentaje (0.25 %) de *Salmonella* Enteritidis a partir de la yema de huevo. Esto es relevante debido a que el principal producto alimenticio de la canasta básica mexicana es el huevo y su contaminación de origen podría significar un importante riesgo de salud pública. Otra fuente importante de *Salmonella* son los productos marinos, que comúnmente se consumen crudos. La diversidad de serotipos de *Salmonella* en ceviche de pescado (Fernández-Escartín & Torres-Vitela, 1996), almejas (Quiñonez-Ramírez et al., 2000) y moluscos (Simental & Martínez-Urtaza, 2008) vendidos en establecimientos fijos y ambulantes muestra una mayor incidencia de este patógeno durante las estaciones más cálidas.

Por todo lo antes expuesto, la contaminación de alimentos por *Salmonella* es de primordial importancia para la secretaría de salud en México, por lo que existen normas para el control de alimentos que puntualizan los requisitos mínimos de buenas prácticas de higiene que deben observarse en el proceso de alimentos y sus materias primas a fin de evitar su contaminación. Aún con estas medidas existe un alto número de serotipos de *Salmonella* en alimentos de origen animal, evidenciando el alto riesgo de consumo de estos productos bajo un proceso de cocción deficiente.

Diversidad de *Salmonella* en ambientes hospederos

En general *Salmonella enterica* puede encontrarse en una variedad de vertebrados, incluyendo seres humanos, mascotas, animales salvajes, terneros, aves de corral, cerdos, ovejas, aves silvestres y reptiles (CDC, 2018b). Esta bacteria se transporta de forma asintomática en el intestino o la vesícula biliar de muchos animales y excretada de forma intermitente a través de las heces (Gunn et al., 2014).

Animales

Durante más de medio siglo, *Salmonella* ha sido reportada en animales en México. En esta revisión, los animales ocupan el segundo lugar como fuente de aislamiento (23.42 %) de la bacteria (Tabla 1), de los cuales el ganado vacuno (10.14 %), aves de corral (5.63 %) y cerdo (3.38 %) presentaron la más alta prevalencia, seguidos por ovejas, perros, cucaracha americana e iguanas con el 2.02, 0.56, 0.33 y 0.11 %, respectivamente. Los principales serotipos encontrados fueron Oranienburg, Anatum, Arizonae y Typhimurium (Grabert, 1968; Figueroa et al., 2005; Jiménez et al., 2011; Cueto-Medina et al., 2015).

(1999) studied feces of different species of reptiles in a serpentarium of the city of Puebla, finding 7.77 % of *Salmonella* isolates. Likewise, Silva-Hidalgo *et al.*, (2012) reported the presence of this bacterium in 11.6 % of the stool samples of captive mammals, birds and reptiles, as well as rodents and insects that live in close contact with the cages of the animals of the zoo under study; finding the serotypes Sandiego, Oranienburg, Weltevreden, Braenderup and Derby. The intraserotype analysis using PFGE showed indistinguishable strains (no genetic diversity), with some isolated exception, which suggests the circulation of this variant of *Salmonella* among the animal inhabitants in these environments, which can be disseminated through water, food, fomites or vectors like waterfowl and rodents.

Humans

Humans acquire *Salmonella* infection after ingestion of contaminated food or water. The disease is mainly caused by host-specific serotypes such as Typhi and Paratyphi, however infections in humans are not restricted to them alone.

Since epidemiological surveillance in Mexico has been documented, typhoid fever has been increasing while paratyphoid fever and other salmonellosis have remained in a constant range of about 100,000 cases per year in the last decade (DGE, 2017a) (Figure 1 and 2), highlighting that these data could be higher if all the events of this condition were recorded.

In 1972 and early 1973 an epidemic of typhoid fever (caused by *Salmonella* Typhi) occurred in Mexico City, which rapidly expanded to surrounding areas affecting more than 10,000 people (Bessudo *et al.*, 1973; Olarte & Galindo, 1973, González-Cortes *et al.*, 1974). Two other important outbreaks related to the common consumption of contaminated food were reported; the first occurred within a hospital, involving 155 people infected by *Salmonella* Enteritidis (Chávez-de la Peña *et al.*, 2001); the second took place inside a prison, where 150 inmates presented diarrhea and other symptoms of enteric disease caused by *Salmonella* Oranienburg (Vázquez-Garcidueñas *et al.*, 2014). In both cases the source of infection was not identified.

Although foods of animal origin have been described as the main cause of *Salmonella* outbreaks, the presence of

Por otro lado, estudios con animales en cautiverio han mostrado la presencia de *Salmonella*; Martínez *et al.*, (1999) estudiaron las heces de diferentes especies de reptiles en un serpentario de la ciudad de Puebla, encontrando 7.77 % de aislados de *Salmonella*. Asimismo, Silva-Hidalgo *et al.*, (2012) reportaron la presencia de esta bacteria en el 11.6 % de las muestras de heces de mamíferos, aves y reptiles cautivos, así como roedores e insectos que viven en estrecho contacto con las jaulas de los animales del zoológico en estudio; encontrando los serotipos Sandiego, Oranienburg, Weltevreden, Braenderup y Derby. El análisis intraserotipo mediante PFGE mostró cepas indistinguibles (nula diversidad genética), con alguna excepción aislada, lo cual sugiere la circulación de esta variante de *Salmonella* entre los habitantes animales en estos ambientes, que pueden diseminarse a través de agua, alimentos, fomites o vectores como aves acuáticas y roedores.

Humanos

Los seres humanos adquieren la infección por *Salmonella* después de la ingestión de alimentos o agua contaminados. El padecimiento lo causan principalmente serotipos hospedero-específico como los son Typhi y Paratyphi, sin embargo las infecciones en humanos no están restringidas solo a estos.

Desde que se documenta la vigilancia epidemiológica en México, la fiebre tifoidea ha ido en aumento mientras que la fiebre paratifoidea y otras salmonelosis se han mantenido en un rango constante de cerca de 100,000 casos por año en la última década (DGE, 2017a) (Figura 1 y 2), resaltando que estos datos pudieran ser más elevados si se registraran todos los eventos de este padecimiento.

En el año de 1972 y principios de 1973 se presentó una epidemia de fiebre tifoidea (ocasionada por *Salmonella* Typhi) en la Ciudad de México, la cual se expandió rápidamente a áreas circunvecinas afectando a más de 10,000 personas (Bessudo *et al.*, 1973; Olarte & Galindo, 1973; González-Cortes *et al.*, 1974). Otros dos brotes importantes relacionados con el consumo común de alimentos contaminados fueron reportados; el primero ocurrió dentro de un hospital, involucrando a 155 personas infectadas por *Salmonella* Enteritidis (Chávez-de la Peña *et al.*, 2001); el segundo tuvo lugar dentro de una prisión, donde 150 reclusos presentaron diarrea y otros síntomas de enfermedad entérica ocasionada por *Salmonella* Oranienburg (Vázquez-Garcidueñas *et al.*, 2014). En ambos casos la fuente de infección no fue identificada. Si bien los alimentos de origen animal han sido descritos

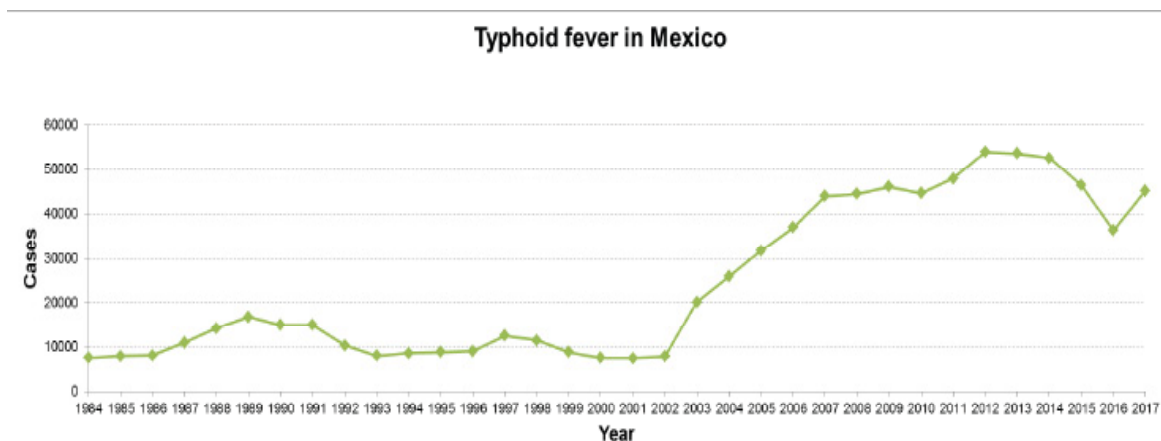


Figure 1. Prevalence of Typhoid Fever in Mexico during the period from 1984 to 2017 (Anuario de Morbilidad 1984 -2017. DGE, 2017).

Figura 1. Prevalencia de fiebre tifoidea en México durante el período de 1984 a 2017 (Anuario de Morbilidad 1984-2017. DGE, 2017).

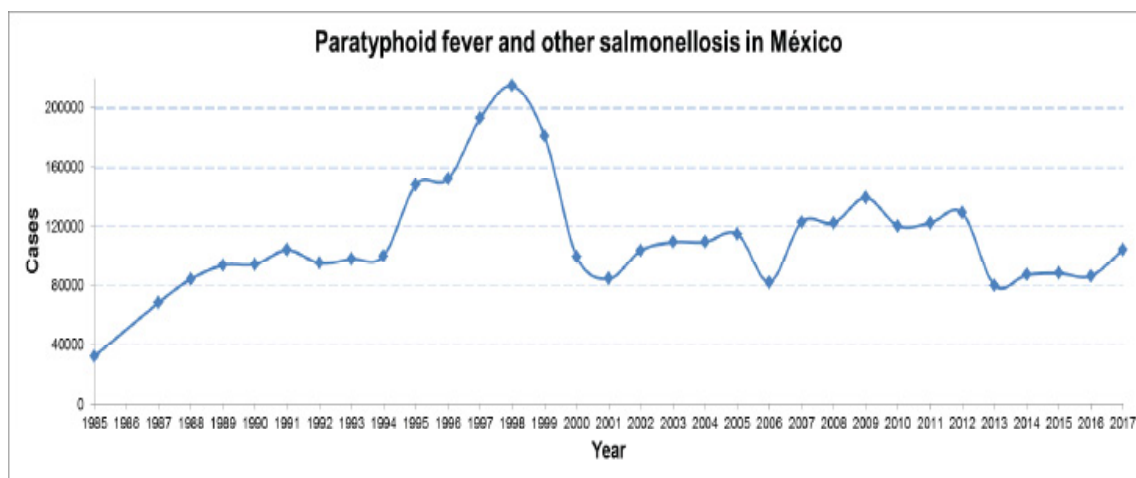


Figure 2. Prevalence of Paratyphoid fever and other salmonellosis in Mexico during the period from 1984 to 2017. (Anuario de Morbilidad 1984 -2017. DGE, 2017).

Figura 2. Prevalencia de fiebre paratifoidea y otras salmonelosis en México durante el período de 1984 a 2017. (Anuario de Morbilidad 1984 -2017. DGE, 2017).

this bacterium in healthy and sick individuals can convert the human as a carrier, disseminator and therefore responsible for the transmission of this disease (Zaidi *et al.*, 2006; Hernández *et al.*, 2007; Paniagua-Contreras *et al.*, 2008); this is reflected by placing the human as the third source of *Salmonella* isolation in Mexico, with 21.46 % (Table 1). This problematic accentuates the need to implement continuous and broader surveillance programs to monitor sources of contamination, with the use of more sensitive and faster techniques for the discrimination of pathogens.

Conclusions

Salmonella is a pathogen widely distributed in Mexico. The phenotypic diversity indicates the presence of at least 216 serotypes circulating in the country, being the serotypes Enteritidis, Typhimurium, Anatum, Agona and Meleagridis the most prevalent. The infectious and resistance capacity of circulating serotypes in Mexico depends on the selective pressure of environmental variations including temperature and rainfall. In the same way, this selective pressure is visible in the exacerbated increase of *Salmonella* serotypes with multiresistance to antibiotics, which provides the bacteria with one increased virulence factor.

In this review of the last 50 years of *Salmonella* in Mexico, studies addressing issues related to the interactions of this bacterium with the environment in terms of epidemiology, diversity and resistance were included; however, the information is limited. This compilation benchmarks to strengthen and carry out more research, deepening in topics that allow to elucidate more accurately the role that climatic variations, antimicrobial and environmental resistance (biofilms) play in the adaptation and appearance of more virulent strains of this pathogen, based on genetic diversity through the analysis of genomic data that can relate the dynamics of dispersion, seasonality and traceability. This information will contribute to the application of the corresponding actions by the pertinent authorities for this pathogen control, and thereby allow the reduction of morbidity and mortality caused by *Salmonella* in the Mexican population.

como la principal causa de brotes por *Salmonella*, la presencia de esta bacteria en individuos sanos y enfermos puede convertir al humano como portador, diseminador y por ende responsable de la transmisión de esta enfermedad (Zaidi *et al.*, 2006; Hernández *et al.*, 2007; Paniagua-Contreras *et al.*, 2008); esto se ve reflejado ubicando al humano como la tercera fuente de aislamiento de *Salmonella* en México, con un 21.46 % (Tabla 1). Esta problemática acentúa la necesidad de implementar programas de vigilancia continuos y más amplios para el seguimiento de fuentes de contaminación, con el uso de técnicas más sensibles y más rápidas para la discriminación de patógenos.

Conclusiones

Salmonella es un patógeno ampliamente distribuido en México. La diversidad fenotípica indica la presencia de al menos 216 serotipos circulando en el país, siendo los serotipos Enteritidis, Typhimurium, Anatum, Agona y Meleagridis los más prevalentes. La capacidad infecciosa y de resistencia de los serotipos circulantes en México depende de la presión selectiva de las variaciones ambientales incluyendo la temperatura y la precipitación pluvial. De la misma manera esta presión selectiva es visible en el aumento exacerbado de serotipos de *Salmonella* con multiresistencia a los antibióticos, lo cual le provee a la bacteria con un incrementado factor de virulencia.

En esta revisión de los últimos 50 años de *Salmonella* en México fueron incluidos estudios de *Salmonella* que abordaron temas referentes a las interacciones de esta bacteria con el entorno en términos epidemiológicos, diversidad y resistencia, sin embargo, la información es limitada. Esto da pauta a fortalecer y realizar más investigaciones, profundizando en temas que permitan dilucidar con mayor precisión el papel que las variaciones climáticas, resistencia antimicrobiana y ambiental (biopelículas) juegan en la adaptación y aparición de cepas más virulentas de este patógeno, con base a la diversidad genética mediante el análisis de datos genómicos que puedan relacionar la dinámica de dispersión, estacionalidad y trazabilidad. Esta información coadyuvará a la aplicación de las acciones correspondientes por parte de las autoridades pertinentes para el debido control de este patógeno y permitir con ello la disminución de la morbilidad y mortalidad ocasionada por *Salmonella* dentro de la población mexicana.

Acknowledgements

The authors thank the Bs. Célida Isabel Martínez Rodríguez and Bs. Jorge Luis Manjarrez Vázquez for their technical assistance.

Agradecimientos

Los autores agradecen a la QFB. Célida Isabel Martínez Rodríguez y LI. Jorge Luis Manjarrez Vázquez por su asistencia técnica.

References

- Acedo-Félix, E., Núñez-Hernández, Y., Pérez-Morales, R., Iñiguez-Palomares, C. M. and Castillón-Campaña, L. (2009). Caracterización polifásica de *Salmonella* spp. aislada de campos agrícolas de melón (*Cucumis melo*) y cilantro (*Coriandrum sativum*). *Interciencia*, 34(6): 419-423. http://www.scielo.org/ve/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0378-18442009000600010.
- Aguilar-Montes de Oca, S., Talavera-Rojas, M., Soriano-Vargas, E., Barba-Leon, J., Vazquez-Navarrete, J. and Acosta-Dibarrat, J. et al. (2017). Phenotypic and genotypic profile of clinical and animal multidrug-resistant *Salmonella enterica* isolates from Mexico. *Journal of Applied Microbiology*, 124: 67-74. <https://doi.org/10.1111/jam.13615>
- Akil, L., Ahmad, H.A. and Reddy, R.S. (2014). Effects of Climate Change on *Salmonella* infections. *Foodborne Pathogens Disease*, 11: 974-980. <https://doi.org/10.1089/fpd.2014.1802>.
- Alaniz-de la O, R., Ríos-Ibarra, M.L., Rosas-Barbosa, B.T. and Juan-Morales, A.L. (1996). Resistencia a antimicrobianos de cepas de *Salmonella* aisladas de fuentes animales. *Veterinaria México*, 28(3): 215-220. www.medigraphic.com/cgi-bin/resumen.cgi?IDARTICULO=16105
- Alcázar-Montañez, C.D., Rubio, L.M.S., Núñez, E.F. and Alonso, M.R.A. (2006). Detección de *Salmonella* spp y *Listeria monocytogenes* en quesos frescos y semimadurados que se expenden en vía pública en la ciudad de México. *Veterinaria México*, 37(4):417-429. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=42337402>
- Angulo, F.J., Nargund, V.N. and Chiller, T.C. (2004). Evidence of an association between use of anti-microbial agents in food animals and antimicrobial resistance among bacteria isolated from humans and the human health consequences of such resistance. *Journal of veterinary medicine. B, Infectious diseases and veterinary public health*, 51: 374-379. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0450.2004.00789.x>
- Annous, B.A., Solomon, E.B., Cooke, P.H. and Burke, A. (2005). Biofilm formation by *Salmonella* spp on cantaloupe melons. *Journal of Food Safety*, 25:276-287. <https://doi.org/10.1111/j.1745-4565.2005.00024.x>
- Becerra-Tapia, N. & Botello, A.V. (1995). Bacterias coliformes totales, fecales y patógenas en el sistema lagunar Chantuto-Panzacola, Chiapas, México. *Hidrobiológica*, 5: 87-94. <http://www.redalyc.org/pdf/578/57850207.pdf>
- Bello-Pérez, L.A., Ortiz-Dillanes, D.M., Pérez-Memije, E. and Castro-Domínguez, V. (1990). *Salmonella* en carnes crudas: un estudio en localidades del estado de Guerrero. *Salud Pública de México*, 32(1): 74-79. <http://www.redalyc.org/pdf/106/10632110.pdf>
- Benavides-Plasencia, L., Aldama-Ojeda, A.L. and Vázquez, H.J. (2005). Vigilancia de los niveles de uso de antibióticos y perfiles de resistencia bacteriana en hospitales de tercer nivel de la Ciudad de México. *Salud Pública de México*, 47(3): 219-226. <http://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumen.cgi?IDARTICULO=6615>
- Bessudo, M.D., Olarte, J., Mendoza-Hernández, P., Galindo, E., Carrillo, J. and Gutiérrez-Trujillo, G. (1973). Aislamiento de *S. typhi* resistente a altas concentraciones de cloranfenicol. *Boletín de la Oficina Sanitaria Panamericana*, 1-6. <http://iris.paho.org/xmlui/bitstream/handle/123456789/10871/v74n1p1.pdf?sequence=1>
- Boddicker, J.D., Ledebor, N.A., Jagnow, J., Jones, B.D. and Clegg, S. (2002). Differential binding to and biofilm formation on, HEp-2 cells by *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium is dependent upon allelic variation in the fimH gene of the fim gene cluster. *Molecular Microbiology*, 45(5): 1255-1265. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2958.2002.03121.x>
- Brenner, F.W., Villar, R.G., Angulo, F.J., Tauxe, R. and Swaminathan, B. (2000). *Salmonella* Nomenclature. *Journal of Clinical Microbiology*, 38(7): 2465-2467. <https://jcm.asm.org/content/jcm/38/7/2465.full.pdf>
- Camacho, R.O., Acedo, R.L.E., Moreno, I.G.M., Sánchez, M.R.I., Castillón, C.L.G. and Navarro, N.M. (2010). Detección de *Salmonella* resistente a los antibióticos en vísceras de pollo. *Biotechnia*, XII: 3-11. <https://es.scribd.com/docu->

- [ment/286356725/Salmonella#](#)
- CDC (Center for Disease Control and Prevention) (2013). Surveillance for foodborne disease outbreaks. United States (2009-2010) *Morbidity and Mortality Weekly Report* (MMWR), 62: 41-47. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23344696>
- CDC (Center for Disease Control and Prevention) (2018a). Salmonellosis-nontyphoidal. <https://wwwnc.cdc.gov/travel/yellowbook/2018/infectious-diseases-related-to-travel/salmonellosis-nontyphoidal>
- CDC (Center for Disease Control and Prevention) (2018b). *Salmonella* Home Page. <https://www.cdc.gov/salmonella/index.html>
- Cerna-Cortes, J.F., Gómez-Aldapa, C., Rangel-Vargas, E., Ramírez-Cruz, E. and Castro-Rosas, J. (2013). Presence of indicator bacteria, *Salmonella* and diarrheagenic *Escherichia coli* pathotypes on mung bean sprouts from public markets in Pachuca, Mexico. *Food Control*, 31: 280-283. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2012.10.010>
- Charles-Hernández, G.L., Medina-Solis, C.E. and Hernández-Romano, J. (2007). Prevalencia de *Salmonella* sp en alimentos en el estado de Tamaulipas durante el año 2005. *Revista de Investigación Clínica*, 59(6): 437-443. <http://www.medigraphic.com/pdfs/revinvcli/nn-2007/nn076e.pdf>
- Chávez-de la Peña, M.E., Higuera-Iglesias, A.L., Huertas-Jiménez, M.A., Báez-Martínez, R., Morales-de León, J. and Arteaga-Cabello, F. (2001). Brote por *Salmonella* Enteritidis en trabajadores de un hospital. *Salud Pública de México*, 43: 211-216. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0036-36342001000300006
- CONAGUA (Comisión Nacional del Agua, Sistema Meteorológico Nacional). (2013) Reporte del Clima en México. <http://smn1conagua.gob.mx/climatologia/analisis/reporte/Anual2013.pdf>
- Constantin, O.E. (2009). Bacterial biofilm formation at air liquid interfaces. *Innovative Romanian Food Biotechnology*, 5: 18-22. <http://www.bioaliment.ugal.ro/revista/5/Paper%2053.pdf>
- Costerton, J.W., Stewart, P.S. and Greenberg, E.P. (1999). Bacterial biofilms: A common cause of persistent infections. *Science*, 284: 1318-1322. <http://doi.org/10.1126/science.284.5418.1318>
- Cueto-Medina, S.M., Castillo-Martínez, A., Hernández-Rodríguez, S., Gallegos-Robles, M.A., Sánchez-Ramos, F.J. and Ortega-Morales, A.I. (2015). Presencia de *Salmonella* sp. en cucaracha americana *Periplaneta americana* L. (Blattodea: Blattellidae) en Torreón, Coahuila, México. *Entomología Mexicana*, 2: 762-766. <https://www.researchgate.net/publication/327381839>
- De los Santos, V.A.A., Hernández, A.A.M., Eslava, C.C.A., Landa, S.P., Mora, A.G. and Luchansky, J.B. (2012). Biofilm production and resistance to disinfectants in *Salmonella* strains isolated from prickly pear, water and soil. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 3(6): 1063-1074. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=263123222001>
- DGE (Dirección General de Epidemiología). (2017). Anuario de Morbilidad, 1984 -2017. <http://www.epidemiologia.salud.gob.mx/anuario/html/anuarios.html>
- Donlan, R.M., & Costerton, J.W. (2002). Biofilms: survival mechanism of clinically relevant microorganisms. *Clinical Microbiology Reviews*, 15: 167-193. <https://cmr.asm.org/content/15/2/167.short>
- Escartin, E.F., Castillo, A., Hinojosa-Puga, A. and Saldaña-Lozano, J. (1999). Prevalence of *Salmonella* in chorizo and its survival under different storage temperatures. *Food Microbiology*, 16: 479-486. <https://doi.org/10.1006/fmic.1999.0258>
- EFSA (Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria). (2015). The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food borne outbreaks. *EFSA Journal*, 13: 3991. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2015.3991>
- Estrada-Acosta, M., Jiménez, M., Chaidez, C., León-Félix, J. and Castro-del Campo, N. (2014). Irrigation water quality and the benefits of implementing good agricultural practices during tomato (*Lycopersicon esculentum*) production. *Environmental Monitoring and Assessment*, 186: 4323-30. <https://doi.org/10.1007/s10661-014-3701-1>
- Estrada-Acosta, M.D., Ramírez, K., Medrano-Félix, J.A., Castro-Del Campo, N., López-Moreno, H.S., Jimenez- Edeza, M., Martínez-Urtaza, J. and Chaidez, C. (2017). Effect of river water exposition on adhesion and invasion abilities of *Salmonella* Oranienburg and Saintpaul. *International Journal of Environmental Health Research*, 28(1): 43-54. <https://doi.org/10.1080/09603123.2017.1415308>
- Estrada-García, T., López-Saucedo, C., Zamarripa-Ayala, B., Thompson, M.R., Gutierrez-Cogco, L. and Mancera-Martínez, A. (2004). Prevalence of *Escherichia coli* and *Salmonella* spp in street-vended food of open markets (tianguis) and general hygienic and trading practices in Mexico City. *Epidemiology and Infection*, 132: 1181-1184. <https://doi.org/10.1017/S0950268804003036>

- Félix-Fuentes, A., Campas-Baypoli, O.N. and Meza-Montenegro, M. (2005). Calidad sanitaria de alimentos disponibles al público de Ciudad Obregón, Sonora, México. *Revista Salud Pública y Nutrición*, 6: 1-14. <http://respyn.uanl.mx/index.php/respyn/article/view/149/131>
- Fernández-Escartín, E. & Torres-Vitela, M.R. (1996). Contaminación del ceviche de pescado por *Salmonella* en Guadalajara, Jalisco, México. *Boletín de la Oficina Sanitaria Panamericana*, 120: 198-203. <http://iris.paho.org/xmlui/handle/123456789/15493>
- Figueroa, A.G.A., González, R.M., Molina, G.A., Yáñez, G.R., Espinoza, N.J. and Serna, E.M.C. (2005). Identificación de *Salmonella* spp en agua, melones cantaloupe y heces fecales de iguanas en una huerta melonera. *Medicina Interna de México*, 21: 255-258. <http://www.medigraphic.com/pdfs/medintmex/mim-2005/mim054c.pdf>
- Gallegos-Robles, M.A., Morales-Loredo, A., Álvarez-Ojeda, G., Vega-P, A., Chew-M, and Velarde, S. (2008). Identification of *Salmonella* Serotypes isolated from Cantaloupe and Chile Pepper Production Systems in Mexico by PCR-Restriction Fragment Length Polymorphism. *Journal of Food Protection*, 77: 2217-2222. <https://doi.org/10.4315/0362-028X-71.11.2217>
- Gallegos-Robles, M.A., Morales-Loredo, A., Álvarez-Ojeda, G., Osuna-García, J.A., Martínez, I.O. and Morales-Ramos. (2009). PCR Detection and Microbial isolation of *Salmonella* spp from Fresh beef and Cantaloupes. *Journal of Food Science*, 74(1): M37-M40. <https://doi.org/10.1111/j.1750-3841.2008.01006.x>
- García-Gómez, R., Chávez-Espinoza, J., Mejía-Chávez, A. and Durán-de-Bazúa, C. (2002). Microbiological determinations of some vegetable from the Xochimilco zone in Mexico City, Mexico. *Revista Latinoamericana de Microbiología*, 44: 24-30. <http://www.medigraphic.com/pdfs/lamico/mi-2002/mi021e.pfd>
- Gómez-Aldapa, C.A., Rangel-Vargas, E., Bautista-De León, H. and Castro-Rosas, J. (2014). Presence of non-0157 Shiga toxin-producing *Escherichia coli*, enterotoxigenic *E. coli*, enteropathogenic *E. coli* and *Salmonella* in fresh beet-root (*Beta vulgaris* L.) juice from public markets in Mexico. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 94: 2705-2711. <https://doi.org/10.1002/jsfa.6614>
- González-Cortés, A., Bessudo, D., Sánchez-Leyva, R., Fragoso, R., Hinojosa, M. and Becerril, P. (1974). Water-borne transmission of chloramphenicol-resistant *Salmonella* Typhi in Mexico. *The lancet*, 302: 605-607. [http://doi.org/10.1016/S0140-6736\(73\)92427-6](http://doi.org/10.1016/S0140-6736(73)92427-6)
- Grabert, K. (1968). Incidencia de *Salmonella*, *Shigella* y *Coli* enteropatógeno en el perro en la ciudad de México. *Técnica Pecuaria*, 28-30. <http://cienciaspecuarias.inifap.gob.mx/index.php/Pecuarias/article/view/1972/3532>
- Gunn, J.S., Marshall, J.M., Baker, S., Dongol, S., Charles, R.C. and Ryan, E.T. (2014). *Salmonella* chronic carriage: epidemiology, diagnosis and gallbladder persistence. *Trends in Microbiology*, 22: 648-655. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2014.06.007>
- Gutiérrez-Cogco, L., Montiel-Vázquez, E., Aguilera-Pérez, P. and González-Andrade, M.C. (2000). Serotipos de *Salmonella* identificados en los servicios de salud en México. *Salud Pública de México*, 42(6): 490-495. https://www.scielo.org/scielo.php?pid=S0036-36342000000600004&script=sci_arttext&lng=es
- Herman, K.M., Hall, A.J. and Gould, L.H. (2015). Outbreaks attributed to fresh leafy vegetables, United States, 1973-2012. *Epidemiology and Infection*, 143(14): 3011-3021. <https://doi.org/10.1017/S0950268815000047>
- Hernández, S.J.S., Zúñiga, E.A., Sánchez, O.I., Castro, R.J., Román, G.A.D. and Santos, L.E.M. (2007). Microbiological conditions during the slaughter process at a municipal slaughterhouse in Hidalgo, Mexico. *Veterinaria México*, 38(2): 187-195. <http://www.medigraphic.com/pdfs/vetmex/vm-2007/vm072epdf>
- Hernández-Domínguez, C., Hernández-Anguiano, A.M., Chaidez-Quiroz, C., Rendón-Sánchez, G. and Suslow, T.V. (2008). Detection of *Salmonella* and fecal coliforms in water for agricultural use destined to melon "Cantaloupe". *Agricultura Técnica en México*, 34(1): 75-84. <http://www.scielo.org.mx/pdf/agritm/v34n1a9.pdf>
- INEGI(Instituto Nacional de Estadística y Geografía). (2017). Anuario estadístico y geográfico de los Estados Unidos Mexicanos. http://internet.contenidos.inegi.org.mx/contenidos/Productos/prod_serv/contenidos/espanol/bvinegi/productos/nueva_estruc/AEGEUM_2017/702825097912.pdf
- Jensen, P.Ø., Givskov, M., Bjarnsholt, T. and Moser, C. (2010). The immune system vs. *Pseudomonas aeruginosa* biofilms. *FEMS Immunology and Medical Microbiology*, 59(3): 292-305. <https://doi.org/10.1111/j.1574-695X.2010.00706.x>

- Jiang, C., Shaw, K.S., Upperman, C.R., Blythe, D., Mitchell, C. and Murtuguddes. (2015). Climate change, extreme events and increased risk of salmonellosis in Maryland, USA: Evidence for coastal vulnerability. *Enviroment International*, 83: 58-62. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2015.06.006>
- Jiménez, M., Martínez-Urtaza, J. and Chaidez, C. (2011). Geographical and Temporal Dissemination of Salmonellae Isolated from Domestic Animal Hosts in the Culiacan Valley, Mexico. *Microbial Ecology*, 61: 811-820. <https://doi.org/10.1007/s00248-010-9792-5>
- Jiménez, M., Martínez-Urtaza, J., Rodríguez-Alvarez, M.X., Leon-Felix, J. and Chaidez, C. (2014). Prevalence and genetic diversity of *Salmonella* spp. in a river in a tropical environment in Mexico. *Journal Of Water And Health*, 12(4): 874-884. <https://doi.org/10.2166/wh.2014.051>
- Ledeboer, N.A. & Jones, B.D. (2005). Exopolysaccharide Sugars Contribute to Biofilm Formation by *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium on HEp-2 Cells and Chicken Intestinal Epithelium. *Journal of Bacteriology*, 187: 3214–3226. <http://doi.org/10.1128/JB.187.9.3214-3226.2005>
- Lee, J.S., Mogasale V.V., Mogasale, V. and Lee, K. (2016). Geographical distribution of typhoid risk factors in low and middle income countries. *BMC Infectious Diseases*, 16: 732. <http://doi.org/10.1186/S12879-016-2074-1>
- Levantesi, C., Bonadonna, L., Briancesco, R., Grohmann, E., Toze, S. and Tandoi, V. (2012). *Salmonella* in surface and drinking water: occurrence and water-mediated transmission. *Food Research International*, 45: 587-602. <http://doi.org/10.1016/j.foodres.2011.06.037>
- López-Cuevas, O., León-Félix, J., Jiménez-Edeza, M. and Chaidez-Quiroz, C. (2009). Detección y resistencia a antibióticos de *Escherichia coli* y *Salmonella* en agua y suelo agrícola. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 32: 119-126. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-73802009000200007
- Lugo-Melchor, Y., Quiñones, B., Amézquita-López, B.A., León-Félix, J., García-Estrada, R. and Chaidez, C. (2010). Characterization of Tetracycline Resistance in *Salmonella enterica* Strains Recovered from Irrigation Water in the Culiacan Valley, Mexico. *Microbial Drug Resistance*, 16(3): 185-190. <https://doi.org/10.1089/mdr.2010.0022>
- Mancera, M.A., Vázquez, N.J., Ontiveros, C.M.L., Durán, V.S., López, H. D. and Tenorio, G.V.R. (2005). Identificación de *Salmonella* Enteritidis en huevo para consumo en la ciudad de México. *Técnica Pecuaria en México*, 43(2): 229-237. <https://cienciaspecuarias.inifap.gob.mx/index.php/Pecuarias/article/view/1377>
- Martínez, B.C., Gallegos, D.C., Bär, W., Márquez de Bär, G., Fernández, C.R. and Ruiz, R.G. (1999). Reptiles “mascotas”: una fuente potencial de infecciones por *Salmonella*. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología*, 19: 266-269. <http://www.mediagraphic.com/cgi-bin/new/resumen.cgi?IDARTICULO=27108>
- Martínez-Urtaza, J., Liebana, E., García-Migura, L., Perez-Piñeiro, P. and Saco, M. (2004). Characterization of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium from marine environments in coastal waters of Galicia (Spain). *Applied and Environmental Microbiology*, 70: 4030–4034. <http://doi.org/10.1128/AEM.70.7.4030-4034.2004>
- Medrano-Félix, J.A., Chaidez, C., Mena, K.D., Soto-Galindo, M.S. and Castro-del Campo, N. (2018a). Characterization of biofilm formation by *Salmonella enterica* at the air-liquid interface in aquatic environments. *Environmental Monitoring and Assessment*, 190: 221. <https://doi.org/10.1007/s10661-018-6585-7>
- Medrano-Félix, J.A., Castro-del Campo, N., Peraza, G.F.J., Martínez-Rodríguez, C.I. and Chaidez, C. (2018b). Carbon source utilization-based metabolic activity of *Salmonella* Oranienburg and *Salmonella* Saintpaul in river water. *Water and Environmental Journal*, 32: 118-124. <https://doi.org/10.1111/wej.12306>
- Miranda, J.M., Mondragón, A.C., Martínez, B., Guarddon, M. and Rodríguez, J.A. (2009). Prevalence and Antimicrobial Resistance Patterns of *Salmonella* from Different Raw Foods in Mexico. *Journal of Food Protection*, 72(5): 966–971. <http://doi.org/10.4315/0362-028X-72.5.966>
- Morales-Hernández, I., Hernández-Anguiano, A.M., Chaidez-Quiroz, C., Rendón-Sánchez, G. and Suslow, T.V. (2009). Detection of *Salmonella* spp. on cantaloupe melón production unit and packaging facility. *Agricultura Técnica en México*, 35: 135-145. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=60812688001>
- Nayarit-Ballesteros, N., Rubio-Lozano, M.S., Delgado-Suárez, E., Méndez-Medina, D., Braña-Varela, D. and Rodas-Suárez, O. (2016). Perfil de resistencia a antibióticos de serotipos de *Salmonella* spp aislados de carne molida en la Ciudad de México. *Salud Pública de México*, 58: 371-377. <https://doi.org/10.21149/spm.v58i3.7897>

- Olarte, J. & Galindo, E. (1973). *Salmonella* Typhi resistant to Chloramphenicol, Ampicillin, and Other Antimicrobial Agents: Strains isolated During an Extensive Typhoid Fever Epidemic in Mexico. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 4: 597-601. <http://doi.org/10.1128/AAC.4.6.597>
- Paniagua-Contreras, G.L., Monroy-Pérez, E. and Vaca-Pacheco, S. (2008). Prevalencia de *Salmonella* spp en diarrea de niños de una zona urbana del Estado de México. *Revista Médica del Hospital General de México*, 71(4): 192-198. <http://www.medigraphic.com/pdfs/h-gral/hg-2008/hg084d.pdf>
- Painter, J. A., Hoekstra, R. M., Ayers, T., Tauxe, R. V., Braden, C. R., Angulo, F. J. and Griffin, P. M. (2013). Attribution of Foodborne Illnesses, Hospitalizations, and Deaths to Food Commodities by using Outbreak Data, United States, 1998–2008. *Emerging Infectious Diseases*, 19(3): 407-415. <http://dx.doi.org/10.3201/eid1903.111866>
- Pérez-Montaño, J.A., González-Aguilar, D., Barba, J., Pacheco-Gallardo, C. and Campos-Bravo, C.A., García, S., et al. (2012). Frequency and antimicrobial resistance of *Salmonella* serotypes on beef carcasses at small abattoirs in Jalisco State, Mexico. *Journal of Food Protection*, 75(5): 867-73. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-11-423>
- Quiñonez-Ramírez, E., Vázquez-Salinas, C., Pedroche, F.F., Moreno-Sepúlveda, L. and Rodas-Suárez, O.R. (2000). Presencia de los géneros *Vibrio* y *Salmonella*, y detección de coliformes fecales en almejas del Golfo de México. *Hidrobiológica*, 10: 131-138. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0188-88972000000200008
- Quiroz-Santiago, C., Rodas-Suárez, O.R., Vázquez, Q.C.R., Fernández, F.J., Quiñonez-Ramírez, E.I. and Vázquez-Salinas, C. (2009). Prevalence of *Salmonella* in vegetables from Mexico. *Journal of Food Protection*, 72: 1279-1282. <https://doi.org/10.4315/0362-028X-72.6.1279>
- Reller, M. E., Tauxe, R.V., Kalish, L. A. and Molbak, K. (2008). Excess salmonellosis in women in the United States: 1968–2000. *Epidemiology and Infection*, 136: 1109–1117. <https://doi.org/10.1017/S0950268807009594>
- Rubio, L.M.S., Martínez, B.J.F., Hernández, C.R., Bonilla, C.C., Méndez, M.R.D. and Núñez, E.J.F. (2013). Detección de *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* y *Yersinia enterocolitica* en carne de res en puntos de venta en México. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 4: 107-115. <http://www.scielo.org.mx/pdf/rmcp/v4n1/v4n1a9.pdf>
- Silva-Hidalgo, G., Ortiz-Navarrete, V.F., Alpuche-Aranda, C.M., Rendón-Maldonado, J.G., López-Valenzuela, M. and Juárez-Barranco, F. (2012). Non-typhi *Salmonella* serovars found in Mexican zoo animals. *Research in Veterinary Science*, 93: 1132-1135. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2012.03.005>
- Silva-Hidalgo, G., López-Valenzuela, M., Cárcamo-Archiga, N., Cota-Guajardo, S., López-Salazar, M. and Montiel-Vázquez, E. (2016). Identification of *bapA* in strains of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Isolated from Wild Animals Kept in Captivity in Sinaloa, Mexico. *Veterinary Medicine International*, 2016: 1-4. <http://dx.doi.org/10.1155/2016/3478746>
- Simental, L. & Martínez-Urtaza, J. (2008). Climate Patterns Governing the Presence and Permanence of Salmonellae in Coastal Areas of Bahía de Todos Santos, México. *Applied and Environmental Microbiology*, 74: 5918-5924. <http://doi.org/10.1128/AEM.01139-08>
- Steenackers, H., Hermans, K., Vanderleyden, J. and De Keersmaecker, S.C.J. (2012). *Salmonella* biofilms: An overview on occurrence, structure, regulation and eradication. *Food Research International*, 45: 502–531. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2011.01.038>
- Talavera, R.M., Varela, G.J.A., Reyes, R.N.E., Lagunas, B.S., Valladares, C.B., Alonso, F.M.U. and Velázquez O.V.V. (2011). Resistencia antibiótica de genotipos de cepas de *Salmonella* spp de cerdos sacrificados en rastros del Estado de México. *Veterinary Mexico*, 42: 269-276. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S0301-50922011000400002&script=sci_arttext
- Tamagnini, L.M. & Paraje, M.G. (2015). ¿Qué son las bacterias viables no cultivables? *Revista de la Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*, 2(2): 99-102. <https://revistas.unc.edu.ar/index.php/FCEFN/article/viewFile/10745/12674>
- Torres, V.M.R., Navarro, H.V., Villarruel, L.A., Olea, R.M.A. (2011). Prevalence of *Salmonella* and *Staphylococcus aureus* in chorizo and longaniza. *NACAMEH*, 5: S96-S107. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=4024306>
- Varela-Guerrero, J., Talavera-Rojas, M., Gutiérrez-Castillo, A.C., Reyes-Rodríguez, N.E. and Vázquez-Guadarrama, J. 2013. Phenotypic-genotypic resistance in *Salmonella* spp. isolated from cattle carcasses from the north central zone of the State of Mexico. *Tropical Animal Health and Production*, 45: 995-1000. <https://doi.org/10.1007/s11250-012-0323-x>

- Vázquez-Garcidueñas, M.S., Romero-Pérez, N.L., Figueroa-Aguilar, G.A., Jaime-Sánchez, J.L. and Vázquez-Marrufo, G. (2014). Investigation of a food-borne *Salmonella* Oranienburg outbreak in a Mexican prison. *Journal of Infection in Developing Countries*, 8(2): 143-153. <http://doi.org/10.3855/jidc.3367>
- Winfield, M.D. & Groisman, E.A. (2003). Role of nonhost Environments in the Lifestyles of *Salmonella* and *Escherichia coli*. *Applied and Environmental Microbiology*, 69: 3687-3694. <http://doi.org/10.1128/AEM.69.7.3687-3694.2003>
- WHO (World Health Organization). (2016). Antimicrobial resistance - World Health Organization. <http://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/antimicrobial-resistance>
- WHO (World Health Organization). (2018a). *Salmonella* (non-typhoidal). [http://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-\(non-typhoidal\)](http://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-(non-typhoidal))
- WHO (World Health Organization). (2018b). Climate change and human health. <http://www.who.int/globalchange/summary/en/index1.html>
- Wu, X., Lu, Y., Zhou, S. and Chen, L., Xu, B. (2016). Impact of climate change on human infectious diseases: Empirical evidences and human adaptation. *Environment International*, 86: 14-23. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2015.09.007>
- Zaidi, M.B., McDermont, P.F., Fedorka-Cray, P., Leon, V., Canche, C. and Hubert, S.K. (2006) Nontyphoidal *Salmonella* from Human Clinical Cases, Asymptomatic Children, and Raw Retail Meats in Yucatan, Mexico. *Clinical Infectious Diseases*, 42: 21-28. <https://doi.org/10.1086/498508>
- Zaidi, M.B., Leon, V., Canche, C., Perez, C.; Zhao, S., Hubert, S.K., Abbott, J., Blickenstaff, K. and McDermott, P. (2007). Rapid and widespread dissemination of multidrug-resistant bla_{CMY-2} *Salmonella* Typhimurium in Mexico. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 60: 397-401. <https://doi.org/10.1093/jac/dkm168>
- Zaidi, M.B., Calva, J.J., Estrada-García, M.T., León, V., Vázquez, G. and Figueroa, G. (2008). Integrated Food Chain Surveillance System for *Salmonella* spp in Mexico. *Emerging Infectious Disease*, 14: 429-435. <http://doi.org/10.3201/eid1403.071057>
- Zaidi, M.B., Campos, F.D., Estrada-García, T., León, M., Chim, R. and Calva, J. (2012). Burden and Transmission of Zoonotic Foodborne Disease in a Rural Community in Mexico. *Clinical Infectious Disease*, 55: 51-60. <http://doi.org/10.1093/cid/cis300>
- Zhang, Y., Bi, P. and Hiller, J.E. (2010). Climate variations and *Salmonella* infection in Australian subtropical and tropical regions. *Science of The Total Environment*, 408: 524-530. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2009.10.068>