

**Bibliometría de los tipos de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), aplicadas en la identificación de *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en carnes frescas y algunos productos cárnicos procesados crudos y cocidos**

Roger Alberto Rabelo Florez  
Gloria Isabel Gutiérrez de Piñerez Ramírez

Universidad Nacional Abierta y a Distancia  
Escuela de Ciencias Básicas, Tecnología e Ingeniería  
Programa de Maestría en Biotecnología Alimentaria  
Valledupar, Colombia

Octubre de 2023

**Bibliometría de los tipos de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), aplicadas en la identificación de *Salmonella spp.*, *Campylobacter spp.*, *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en carnes frescas y algunos productos cárnicos procesados crudos y cocidos**

Roger Alberto Rabelo Florez  
Gloria Isabel Gutiérrez de Piñerez Ramírez

Trabajo de grado presentado como requisito para optar al título de: Magister en Biotecnología  
Alimentaria

Modalidad Monografía

Directoras:

Dra. Andrea Vásquez García

Dra. Lisett Wilches López

Universidad Nacional Abierta y a Distancia  
Escuela de Ciencias Básicas, Tecnología e Ingeniería  
Programa de Maestría en Biotecnología Alimentaria  
Valledupar, Colombia

Octubre de 2023

## Tabla de Contenido

Resumen .....	6
Abstract .....	8
Introducción .....	9
Planteamiento del problema .....	10
Justificación .....	13
Objetivos .....	15
Objetivo general .....	15
Objetivos específicos .....	15
Marco teórico .....	16
Carne .....	16
Productos Cárnicos procesados .....	16
Enfermedad Transmitida por alimentos (ETA) .....	17
Infecciones alimentarias .....	18
Intoxicaciones alimentarias .....	18
Reacción en Cadena de la Polimerasa .....	18
Tipos de Técnicas de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) .....	19
Bibliometría .....	23
Principales Bacterias Patógenas en Carnes y Productos Cárnicos Procesados .....	24
Software R studio o Posit Cloud .....	29
Bibliometrix .....	30
Metáfora del Árbol de la Ciencia (MAC) .....	30
Mapeo bibliométrico .....	32
Metodología .....	33
Examinación de los datos bibliográficos a través de la herramienta R studio, acerca de las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa aplicadas en la identificación de <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., <i>Listeria monocytogenes</i> y <i>Escherichia coli</i> en carnes frescas y en algunos productos cárnicos procesados crudos y cocidos .....	33
Construcción de la metáfora del árbol de la ciencia de acuerdo a los resultados obtenidos a través de la herramienta R studio, acerca de las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa aplicadas en la identificación de <i>Salmonella</i> spp., <i>Campylobacter</i> spp., <i>Listeria monocytogenes</i> y <i>Escherichia coli</i> en carnes frescas y en algunos productos cárnicos procesados crudos y cocidos .....	35

Resultados .....	37
Capítulo 1: Productividad – Bibliometría .....	37
Análisis histórico de la producción científica .....	39
Análisis por países de la productividad científica entre los años 2000-2022 .....	39
Análisis de Autores de la productividad científica entre los años 2000-2022 .....	40
Análisis de Revistas de la productividad científica entre los años 2000-2022 .....	42
Redes de la productividad científica entre los años 2000-2022 .....	43
Capítulo 2. Metáfora del Árbol de la Ciencia .....	47
Análisis de Red de la productividad científica entre los años 2000-2022 .....	47
Raíz .....	50
Tronco .....	54
Hojas (perspectivas) .....	54
Conclusiones .....	61
Recomendaciones Finales .....	64
Referencias bibliográficas .....	67
Apéndice A. ....	82

## Índice de Figuras

<b>Figura 1.</b> .....	38
<b>Figura 2.</b> .....	39
<b>Figura 3.</b> .....	40
<b>Figura 4.</b> .....	45
<b>Figura 5.</b> .....	46
<b>Figura 6.</b> .....	47
<b>Figura 7.</b> .....	48
<b>Figura 8.</b> .....	49
<b>Figura 9.</b> .....	57
<b>Figura 10.</b> .....	59
<b>Figura 11.</b> .....	60
<b>Figura 12.</b> .....	63

## Índice de Tablas

<b>Tabla 1.</b> .....	34
<b>Tabla 2.</b> .....	34
<b>Tabla 3.</b> .....	37
<b>Tabla 4.</b> .....	42
<b>Tabla 5.</b> .....	44
<b>Tabla 6.</b> .....	68

## Resumen

Las intoxicaciones alimentarias por bacterias patógenas son un grave problema de salud pública. La presente propuesta monográfica es un análisis bibliográfico, sobre las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa - (PCR), utilizadas en la identificación de las principales bacterias patógenas que se pueden encontrar en carnes frescas y productos cárnicos procesados. El objetivo de este estudio fue analizar la bibliometría de las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa – PCR aplicadas en la identificación de *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en carnes frescas y en algunos alimentos cárnicos procesados. Inicialmente, se ingresó a la biblioteca virtual de la Universidad Nacional Abierta y a Distancia (UNAD) y se accedió a las bases de datos Scopus y WoS, luego se realizó la búsqueda de la información a través de los criterios de búsqueda establecidos. Se emplearon las dos bases de datos WoS y Scopus de la UNAD, ya que facilitaron tener un resultado más amplio del área de conocimiento y porque son las principales bases de datos a nivel mundial. También se empleó el software Rstudio para analizar los resultados. En total se identificaron 168 registros científicos. Evidenciando, que en los últimos 10 años se presentó un aumento en la producción científica del 10.5% y con una tasa de incremento anual del 7,25%. El autor que más ha investigado es De Medici, Dario, vinculado al Instituto Superior de Salud - Italia (7 publicaciones, 3259 citaciones y un índice H de 32), Seguido por Delibato, Elisabetta, vinculada al Instituto Superior de Salud - Italia (7 publicaciones, 1059 citaciones y un índice H de 19). Es necesario incrementar las investigaciones en América del Sur, para poder mejorar la seguridad alimentaria y esto permitirá lograr los objetivos de desarrollo sostenible número 3.

**Palabras claves:** Bacteria, ADN polimerasa, toxina, gen, cebador.

## Abstract

Food poisoning by pathogenic bacteria is a serious public health problem. This monographic proposal is a bibliographic analysis of the Polymerase Chain Reaction (PCR) techniques used in the identification of the main pathogenic bacteria that can be found in fresh meat and processed meat products. The objective of this study was to analyze the bibliometrics of PCR techniques applied in the identification of *Salmonella* spp, *Campylobacter* spp, *Listeria monocytogenes* and *Escherichia coli* in fresh meats and some processed meat products. Initially, the virtual library of the Universidad Nacional Abierta y a Distancia (UNAD) was accessed and the Scopus and WoS databases were accessed, then the information was searched using the established search criteria. The two databases WoS and Scopus of the UNAD were used, since they facilitated having a broader result of the area of knowledge and because they are the main databases worldwide. The Rstudio software was also used to analyze the results. A total of 168 scientific records were identified. This shows that in the last 10 years there has been an increase in scientific production of 10.5% and an annual increase rate of 7.25%. The author who has done the most research is De Medici, Dario, linked to the Higher Institute of Health - Italy (7 publications, 3259 citations and an H index of 32), followed by Delibato, Elisabetta, linked to the Higher Institute of Health - Italy (7 publications, 1059 citations and an H index of 19). It is necessary to increase research in South America, in order to improve food security and this will allow the achievement of sustainable development goals number 3.

**Keyword:** Bacteria, DNA polymerase, toxin, gene, primer.



## Introducción

Las intoxicaciones alimentarias por bacterias patógenas son un grave problema de salud pública. Los métodos tradicionales de identificación de estos microorganismos no son suficientes para identificar de manera precisa los géneros patógenos presentes en los alimentos. La utilización de la Reacción en Cadena de la Polimerasa – PCR, ha facilitado la identificación en menos tiempo y mejora la detección de las bacterias presentes.

La bibliometría es una herramienta que nos acerca al entendimiento de un tema, brindando información organizada y sistemática. Facilitando el discernimiento y el análisis holístico, permitiendo conocer el estado del tema a nivel internacional. Las métricas documentales, nos brindan un panorama más preciso de un tema, teniendo en cuenta las redes que se constituyen, tanto en citas como en colaboraciones entre autores, entre países, entre instituciones, entre otros.

R studio es un software de libre acceso que facilita obtener la bibliometría, accediendo a los indicadores bibliométricos (betwensness, indegree y outdegree), de esta manera se facilita la obtención de la metáfora del árbol de la ciencia, accediendo a los documentos de la raíz (hegemónicos), documentos del tronco y documentos de las hojas y de paso accediendo a las perspectivas o tendencias en investigación.

## Planteamiento del problema

El presente documento monográfico es un análisis de los documentos científicos, acerca de las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa - (PCR), aplicadas en la detección de las relevantes bacterias patógenas que se pueden encontrar en carnes frescas y productos cárnicos procesados.

Con base en la información de elaboración a nivel internacional, el ser humano se alimenta mayoritariamente de productos cárnicos (López et al., 2018) y se estima que la demanda internacional de carne se incremente en un 57 %, entre 2005 y 2050 (FAO, 2019). Los cárnicos son considerados alimentos de mayor riesgo en salud pública, ya que su composición nutricional favorece el crecimiento de microorganismos patógenos (Cuadrado Cano & Vélez Castro, 2018). Según López et al. (2018), son los productos más involucrados en las enfermedades transmitidas por alimentos (ETA), por esto, la existencia de bacterias en productos cárnicos significa una advertencia para la salud de los consumidores.

*Campylobacter*, *Salmonella*, *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* O157:H7, son los principales microorganismos referenciados en los brotes de enfermedades transmitidas por alimentos a nivel mundial (Fan et al., 2022; Khan, 2017; Stingl et al., 2021). Las ETA son de significativa importancia para la salud pública, por las tasas de morbilidad y mortalidad que generan (López et al., 2018; Sampaio et al., 2018), además tienen repercusiones económicas, porque minimizan la productividad social (López et al., 2018). Por tal motivo, asegurar la seguridad en alimentos como las carnes y sus derivados, cumplen un rol relevante en el bajo número de infecciones e intoxicaciones alimentarias.

El método regularmente usado en la detección de patógenos en productos cárnicos está fundamentado en métodos microbiológicos tradicionales, que necesitan de tiempos de ensayos largos (Khan, 2017). En el caso de *Salmonella* toman de cuatro a seis días (Rodríguez Sánchez & Barrera Saldaña, 2004), en la detección de *L. monocytogenes* se pueden requerir hasta 7 días y para detectar *Campylobacter* se necesitan de 4 a 16 días (Khan, 2017). Además, los resultados pueden llegar a ser contradictorios, porque se pueden detectar especies similares a la de interés, es decir expresan características fenotípicas similares; el aislamiento de microorganismos patógenos en cajas de Petri no es tan eficiente, porque el microorganismo está en baja concentración y para recuperarlo requiere pasos laboriosos (Petsios et al., 2016).

Lo anterior no permite la toma de decisiones rápidas, lo que aumenta el riesgo de comercializar alimentos que no cumplen con los requisitos microbiológicos, arriesgando el prestigio de la industria que los procesa o distribuye, además aumenta pérdidas financieras significativas de productos perecederos, por lo tanto, la industria de alimentos debería fortalecer el uso de metodologías que faciliten el análisis de los alimentos cárnicos de una manera más rápida y confiable a través de las técnicas moleculares como la PCR (Zariñana & De la, 2017).

En diferentes bases de datos científicas, existen estudios que demuestran que la PCR es rápida, confiable, sensible y que existen diversos tipos de PCR para la detección de patógenos en alimentos. Por tanto, al revisar en la base de datos de Scopus, a nivel internacional desde el 1 de enero del 2000 hasta el 31 diciembre del 2022, se encontraron 9 revisiones bibliométricas acerca del empleo de la PCR para la identificación de algunos de los microorganismos objeto de este estudio o de manera general. Tampoco, se encontró un documento que integre todos los parámetros de búsqueda de este estudio como lo son: las cuatro bacterias más implicadas en las ETA por consumo de productos cárnicos y las PCR que son utilizadas para su detección. Lo

anterior evidencia que no se han realizado suficientes revisiones bibliográficas referente a este tema.

Por todo lo anterior la pregunta de investigación es: ¿Cuál es el análisis bibliométrico, acerca de las investigaciones de las técnicas de PCR, utilizadas para la identificación de *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en carne fresca y productos cárnicos procesados crudos y cocidos?

## Justificación

Este trabajo de grado en modalidad monografía, se articula con la línea de investigación de la Escuela de Ciencias Básicas Tecnología e Ingeniería – ECBTI, titulada Ingeniería en procesos de alimentos y biomateriales, cuyo objetivo es proponer, diseñar, desarrollar e implementar proyectos de adecuación, transformación, estandarización y optimización de procesos de alimentos, productos biológicos y subproductos de la industria alimentaria que solucionen problemas específicos del sector agroindustrial en las diferentes regiones del país.

El desarrollo de esta monografía se llevó a cabo revisando las principales bases de datos como son Scopus y Web Of Science (WoS), en el periodo comprendido entre el 2000 y el 2022, porque facilitan el ingreso a la información (Echchakoui, 2020) también, estas fuentes de información científica son relevantes a nivel mundial (Pranckutė, 2021; Zhu & Liu, 2020), ofreciendo contenido de las ciencias físicas, ciencias de la salud, ciencias sociales y humanidades, y ciencias de la vida.

Esta investigación, brinda información sobre la evolución tecnológica de la PCR, además, se describió lo que se ha investigado en el tema y lo que hace falta por investigar, permitió generar nuevo conocimiento, y a partir de estos resultados, se determinaron nuevas perspectivas de investigaciones que propendan para la solución del problema. El sector agropecuario es el mayor empleador del mundo y proporciona medios de vida al 40% de la población mundial actual; por eso esta investigación se centra en uno de los principales productos de consumo, la carne y sus derivados, contribuyendo a dar cumplimiento al objetivo tres (3) de los Objetivos de Desarrollo Sostenible – ODS, es decir salud y bienestar, ya que se aportará información sobre los diferentes tipos de PCR, teniendo en cuenta la especificidad, tiempo de análisis, ventajas,

desventajas y otro datos relevantes, enriqueciendo la información sobre las alternativas de estudio de calidad bacteriológica de los productos cárnicos y por ende a la inocuidad alimentaria de cualquier país (Gamez, 2015).

Además, esta investigación se fundamenta desde lo teórico ya que se soporta en las diferentes investigaciones realizadas por los autores de la temática como son: Castañeda-Ruelas et al. 2022, Kim y Kim, 2021; Chen et al. 2017, Facciolá et al. 2017, Sharma et al. 2016, Peña, 2020, entre otros.

Por otra parte, desde el Plan Nacional de Desarrollo 2022-2026, "COLOMBIA POTENCIA MUNDIAL DE LA VIDA", se contribuye en aplicar el artículo 137, en el cual establece la democratización de la ciencia a través del acceso a resultados derivados de investigación (DNP, 2023), el cual el documento final de resultado de esta investigación se publicará en el repositorio institucional de la UNAD.

Con la ejecución de este trabajo de grado en modalidad monografía, se ayudó a cumplir con el plan de desarrollo de Valledupar, el cual establece la promoción de la investigación y la generación de conocimiento por parte de los distintos sectores y territorios para tomar decisiones informadas sobre los mecanismos más costo-eficientes para lograr la adaptación (Valledupar, 2020), es decir, aportar un nuevo conocimiento científico, revisando la bibliometría de la aplicación de las diferentes técnicas de PCR, para solucionar problemas relacionados con la identificación de bacterias patógenas en productos cárnicos.

## Objetivos

### Objetivo general

Analizar la bibliometría de las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa – PCR aplicadas en la identificación de *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en carnes frescas y en algunos productos cárnicos procesados.

### Objetivos específicos

Examinar los datos bibliográficos a través de la herramienta R studio, acerca de las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa aplicadas en la identificación de *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en carnes frescas y en algunos productos cárnicos procesados crudos y cocidos.

Construir la metáfora del árbol de la ciencia de acuerdo a los resultados obtenidos a través de la herramienta R studio, acerca de las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa aplicadas en la identificación de *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en carnes frescas y en algunos productos cárnicos procesados crudos y cocidos.

## **Marco teórico**

### **Carne**

Son todas las partes de un animal que puede consumir el humano, además inocuas y aptas para el consumo del hombre; la carne está constituida por agua, proteínas, aminoácidos, minerales, grasas, ácidos grasos, vitaminas y otros componentes bioactivos, así como pequeñas cantidades de carbohidratos (FAO, 2023).

La carne y los productos cárnicos son altamente susceptibles a la oxidación de lípidos y proteínas; esto se debe a que contienen alto valor biológico, así como nutrientes esenciales para una dieta saludable; sin embargo, estas propiedades también hacen que estos productos sean vulnerables a descomposición por microorganismos durante el almacenamiento, transporte y comercialización (Das et al., 2020). Además, pueden reducir su calidad y seguridad alimentaria, puesto que los microorganismos patógenos, pueden generar cambios en el sabor, color, valor nutricional y textura del producto; así como también generar compuestos tóxicos potencialmente peligrosos para los consumidores (Ordaz et al., 2022).

### **Productos Cárnicos procesados**

Son productos alimenticios elaborados total o parcialmente usando carnes o menudencias de los animales, los cuales son sometidos a operaciones específicas antes de su puesta al consumo; son una parte importante de la industria alimentaria y representan una variedad de productos como carnes propiamente dichas, menudencias o subproductos animales; esto incluye todo tipo de embutidos, salchichas, hamburguesas y otros productos similares; los derivados cárnicos se someten a diferentes procesos antes del consumo para garantizar su calidad e inocuidad alimentaria; las operaciones específicas incluyen el uso adecuado del equipamiento en la



fabricación para evitar contaminación cruzada entre los diferentes ingredientes; control estricto sobre los tiempos de procesamiento; emplear métodos adecuados para reducir el nivel microbiano presente en las materias primas; realizar pruebas microbianas periódicamente durante el procesamiento y cumplir con normativas sanitarias vigentes que regulan este sector industrial (Monteagudo Silgo, 2018).

### **Enfermedad Transmitida por alimentos (ETA)**

Las enfermedades transmitidas por los alimentos (ETA) son ocasionadas por consumir alimentos contaminados con microorganismos patógenos; agentes químicos, como toxinas, productos de limpieza y pesticidas, o por agentes físicos, como tierra, vidrio, plástico, metal, entre otros (Cuadrado Cano & Vélez Castro, 2018). Estas contaminaciones pueden ser dañinas para la salud, por lo que es importante que los alimentos estén libres de ellas o que sus cantidades sean muy bajas. (Ortega Ibarra, 2018). Según Soto et al. (2016), una ETA “es el síndrome originado por la ingestión de alimentos y/o agua que contienen agentes etiológicos en cantidades tales que afectan la salud del consumidor”; los síntomas pueden variar, por lo general los más comunes son: dolor abdominal, náuseas, vómito, diarrea, y fiebre; de acuerdo con el estado de salud del consumidor pueden ocurrir complicaciones graves, como el síndrome de Guillan Barré, meningitis, sepsis, abortos, síndrome de Reiter o la muerte.

### **Infecciones alimentarias**

“Son las ETA producidas por la ingestión de alimentos y/o agua contaminados con agentes infecciosos específicos tales como bacterias, virus, hongos o parásitos, que pueden multiplicarse o lisarse en el lumen intestinal, y producir toxinas o invadir la pared digestiva y desde allí alcanzar otros órganos o sistemas” (INS, Instituto Nacional de Salud de Colombia, 2014).

## **Intoxicaciones alimentarias**

“Son las ETA producidas por la ingestión de toxinas formadas en tejidos de plantas, animales o producidas por microorganismos o sustancias químicas o radioactivas que se incorporan a ellos de manera accidental, incidental o intencional en cualquier momento desde su producción hasta su consumo” (INS, Instituto Nacional de Salud de Colombia, 2014).

## **Reacción en Cadena de la Polimerasa**

La PCR es una técnica de laboratorio que se utiliza para amplificar una secuencia específica de ADN; se basa en la síntesis de ADN dirigida por cebadores de oligonucleótidos y por una ADN polimerasa; los cebadores son fragmentos de ADN que se unen a la secuencia de ADN objetivo en los extremos 3', y la ADN polimerasa es una enzima que sintetiza ADN a partir de nucleótidos; la PCR se realiza en una serie de ciclos de temperatura en donde cada ciclo, la temperatura se eleva para separar las cadenas de ADN objetivo y luego, los cebadores se unen a las cadenas de ADN separadas para que la ADN polimerasa se una a estos y se sintetice ADN nuevo (Chen et al., 2017). La anterior definición concuerda con la expresada por Sharma et al. (2016), que definen a la PCR como una técnica que se utiliza para la amplificación de ADN mediante ciclos de temperatura entre 45 y 95 °C y de 30 a 40 ciclos; es una técnica muy sensible y específica, lo que significa que puede detectar pequeñas cantidades de ADN y distinguir entre secuencias de ADN similares y también se utiliza para detectar genes virulentos que pueden causar enfermedades; estos genes pueden ser utilizados para identificar patógenos específicos o para determinar la resistencia a los antibióticos.

## **Tipos de Técnicas de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR)**

En la identificación de bacterias patógenas en alimentos Sharma et al., (2016), destacan la reacción en cadena de la polimerasa simple (sPCR), la reacción en cadena de la polimerasa múltiple (mPCR) y la reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa o en tiempo real (rtPCR) y Taqman PCR. Seguidamente, se describiera en qué consiste cada una:

Reacción en cadena de polimerasa simple: En esta reacción, se usa un conjunto de cebadores únicos que se unen a genes específicos para la detección microbiana. Las bacterias se pueden detectar con o sin enriquecimiento previo en la muestra de alimento. Sin embargo, en muestras de naturaleza turbia se pueden presentar falsos positivos por la detección de ADN de células muertas; para contrarrestar esta situación se ha propuesto la hibridación fluorescente *in situ* (FISH). La amplificación de los genes 16S ARNr de bacterias con cebadores universales ha contribuido a la identificación de especies bacterianas desconocidas o nuevas; también está la reacción en cadena de la Polimerasa Múltiple, la cual se basa en el uso de varios cebadores específicos que se combinan en un solo ensayo, lo que permite la detección rápida de varios microorganismos en una sola reacción. Las concentraciones de los cebadores deben ajustarse para que no se presente interacción entre ellos y generar rendimientos fiables de todos los productos de PCR (Sharma et al., 2016).

Moraleda et al., 2021 afirma, que los reactivos mezclados y el programa utilizado deberán ser suficientes y adecuados para permitir la detección de cada diana y no inhibir la de las demás. Así como también deberán tener una temperatura de hibridación similar para distinguir los amplicones después de un ciclo térmico; bacterias como *Escherichia coli*, *S. aureus*, *Salmonella* spp. y *Listeria monocytogenes* han sido detectadas simultáneamente en alimentos a través de esta

técnica utilizando los cebadores, Stx2A específico de *Escherichia coli* O157:H7, cebador His específico de *Salmonella* spp., cebador Cap8A-B específico de *S. aureus* y cebador Hly específico de *Listeria monocytogenes*; obteniendo como resultado productos de 553, 312, 405 y 210 pb, respectivamente; los cebadores del gen fliCh7 han sido utilizados para la identificación sincronica de *Escherichia coli* O157:H7 y *Listeria monocytogenes* en alimentos junto con un método de enriquecimiento modificado que genera una prueba sensible y rápida. Por otro lado, la PCR múltiple también ha sido utilizada en unión con cromatografía de alta resolución (HPLC), en un ensayo realizado en muestras de pescados y mariscos fueron detectadas cinco especies patógenas de *Vibrio*, entre ellas, *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio cholerae*, *Vibrio alginolyticus*, *Vibrio vulnificus*, y *Vibrio mimicus* (Sharma et al., 2016).

Según Peña y Patricia (2020), destaca la PCR digital (dPCR), consiste en un método en la que una muestra típica de PCR se diluye y se divide en varias partes (de 1000 a 10 millones de micropocillos según la plataforma) asegurando que cada pocillo contenga 1 molécula de ADN molde, aunque puede ocurrir que en algunos pozos no haya ADN molde o haya más de uno; luego se realiza una reacción de amplificación y después las secuencias amplificadas se detectan por fluorescencia de punto final con un escáner en el que se cuentan los pocillos positivos y negativos, lo que permite cuantificar de forma absoluta la cantidad de ADN en la muestra; la reacción se puede llevar a cabo en un microchip que contiene varios pocillos de volumen definido o en micropartículas de emulsión, cada una de las cuales actúa como un pequeño reactor; puesto que este paso de dilución y separación, la dPCR es presenta baja sensibilidad frente a los inhibidores, la cuantificación es independiente del rendimiento de la reacción, lo que facilita medir el ADN con una exactitud, sensibilidad y repetibilidad superiores a la qPCR; este método sobresale por su elevada sensibilidad en la identificación de secuencias de ADN a

concentraciones muy bajas, por lo que se pueden eliminar los procesos de preamplificación y, por lo tanto, se reduce la probabilidad de un aumento tanto de la varianza como de la desviación en los resultados.

PCR cuantitativa (qPCR): “también conocida como PCR en tiempo real, permite monitorear la formación del producto de PCR a lo largo de la reacción; ofrece amplificación simultánea, detección rápida y basada en secuencias específicas de genes objetivo y se aplica mucho en microbiología alimentaria para detectar patógenos transmitidos por alimentos”; en este ensayo se utiliza el tinte fluorescente SYBR green, el cual posee una sensibilidad 1000 veces mayor que el bromuro de etidio, este tinte se une con el ADN de doble cadena a medida que se incorpora: los amplicones se detectan sólo cuando alcanzan el rango de umbral de detección después de 'x' número de ciclos, estos son detectados por el fluorómetro/fotómetro; presenta una relación invertida entre el número de ciclo y el número de copias del material genético; a menor cantidad de ADN presente en una matriz, más ciclos se requerirán para la detección del amplicón; “la PCR en tiempo real tiene la desventaja de los resultados falsos positivos relacionados con la producción de amplicones inespecíficos” (Sharma et al., 2016).

Dentro de esta tecnología cabe resaltar, la Droplet Digital PCR (ddPCR), este se conoce como la tercera generación de PCR cuantitativa; funciona mediante la segmentación de muestras utilizando emulsiones de agua en aceite para crear gotas a partir de las cuales se puede identificar y cuantificar su material genético; la Reacción en Cadena de la Polimerasa Digital de Gotas (ddPCR) es una tercera generación de reacción en cadena de la polimerasa que permite la cuantificación de dianas de ácido nucleico dentro de una muestra; la capacidad de ddPCR para detectar y cuantificar con precisión objetivos poco abundantes ha llevado a sus aplicaciones de rápido crecimiento en la detección de diferentes patógenos (Pandya & Singh, 2022).

Taqman PCR: llamada así por el uso de sondas con esa denominación, “las sondas Taqman consisten principalmente en un fluoróforo unido covalentemente al extremo 5' de la sonda de oligonucleótidos y un extintor en el extremo 3'; están disponibles diferentes tipos de fluoróforos (por ejemplo, 6-carboxifluoresceína, acrónimo: FAM, o tetraclorofluoresceína, acrónimo: TET) y extintores (ejemplo tetrametilrodamina, acrónimo: TAMRA); la molécula extintora apaga la fluorescencia emitida por el fluoróforo a través de la transferencia de energía de resonancia de fluorescencia; las sondas Taqman están diseñadas de tal manera que se hibridan con la región del ADN amplificada por un conjunto específico de cebadores; a medida que la polimerasa Taq sintetiza una nueva hebra, debido a la actividad exonucleasa de 5' a 3', la sonda se degrada; la degradación de la sonda libera fluoróforo, ya que antes el extintor estaba muy cerca de este y podía apagar la luz emitida por el fluoróforo pero ahora, debido a la liberación del mismo, aumenta la distancia con el extintor; así, el fluoróforo emite su luz o fluorescencia” (Sharma et al., 2016).

Por su parte, (Moraleta et al., 2021), menciona otros tipos de PCR, como la PCR anidada, la cual es una variante de la PCR convencional que comprende dos rondas de amplificación con cebadores distintos en cada una, con el fin de incrementar la sensibilidad y la especificidad de la detección; “primero se realiza una reacción con los cebadores externos para amplificar una región de ADN más extensa, que contiene el segmento diana; después, este producto de amplificación se utiliza como molde de una segunda PCR con los cebadores internos para amplificar la región específica”; la PCR de células viables, la cual consiste en una inactivación del ácido nucleico libre en suspensión derivado de células lisadas, luego se realiza la replicación del segmento de ADN diana y de esta manera los productos de la PCR evidencian la existencia de células vivas en la matriz.

## Principales Bacterias Patógenas en Carnes y Productos Cárnicos Procesados

Según Khan, (2017); Fan et al., (2022); Fan et al., (2022) y Stingl et al., (2021) mencionan a *Campylobacter*, *Salmonella*, *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* O157:H7, como las bacterias mayormente implicadas en los brotes transmitidos por carnes y sus derivados a nivel mundial y también como las responsables del retiro de lotes de productos alimenticios del mercado. A continuación, se mencionan los aspectos más relevantes de cada una.

**Salmonella spp.**, es un microorganismo intracelular facultativo, Gram negativo, de la familia *Enterobacteriaceae*, móvil gracias a la presencia de flagelos peritricos (Quishpe & Bryan, 2020), y productor de sulfuro de hidrógeno; comúnmente causa salmonelosis, esta enfermedad se considera una infección del tracto gastrointestinal transmitida por los alimentos contaminados con *Salmonella* (principalmente pollo, cerdo y huevo), la cual posee altas tasas de incidencia; el organismo causante puede pasar de las heces de una persona o animal infectado a los sanos, “el mal lavado de manos y el contacto con mascotas infectadas son algunas de las vías de contaminación” (Ehuwa et al., 2021). Muchos animales son portadores de *Salmonella*, como los pollos, que mal cocidos pueden transmitir *Salmonella enteritidis* y provocar diarrea inflamatoria (Ajmera & Shabbir, 2022). En general, hay más de 2.500 serovariedades Ehuwa et al., (2021) y Ajmera & Shabbir, (2022) de *Salmonella* en todo el mundo. Actualmente, la bacteria *Salmonella* se divide en dos especies bacterianas (*Salmonella enterica* y *Salmonella bongori*), pendiente de aprobación de una tercera especie (*Salmonella subterranea*). *S. enterica* tiene 6 subespecies: *Salmonella enterica. enterica* (subespecie I), subespecie *S. enterica. salamae* (subespecie II), subespecie *S. enterica. arizonae* (subespecie IIIa), subespecie *S. enterica. diarizonae* (subespecie IIIb), subespecie *S. enterica. houtenae* (subespecie IV), y subespecies de *S. enterica. indica* (subespecie VI).

Cada subespecie de *Salmonella* posee múltiples serovares; las Subespecies de *S. enterica*. *enterica* contiene la mayoría de los serotipos y relaciona los más importantes para la patología humana; los más comunes incluyen *Salmonella* serotipo *enteritidis*, *typhimurium*, *newport* y *javiana*; las variedades *typhi* y *paratyphi* relaciona a la *Salmonella tifoidea* que origina fiebre tifoidea y fiebre paratifoidea, que se mezclan para formar fiebre entérica; también pueden causar una infección focal significativa en pacientes inmunodeprimidos (Ajmera & Shabbir, 2022). La *Salmonella* se ha aislado de los productos cárnicos más que de cualquier otro alimento; las aves de corral y sus productos presentan las estadísticas más altas de Salmonelosis (Ehuwa et al., 2021).

**Campylobacter spp.**, son pequeños bacilos Gram negativos curvos, oxidasa positivos, microaerófilos, que exhiben motilidad en sacacorchos y colonizan el tracto intestinal de la mayoría de las especies de mamíferos y aves, en condiciones ideales, *Campylobacter* produce crecimiento visible después de 24 h a 37 °C, pero las colonias bien formadas hasta las 48 horas; sin embargo, pueden pasar hasta 72-96 horas de incubación para observar algunas cepas de crecimiento lento; son incapaces de crecer por debajo de los 30°C, ya que carecen de los genes de la proteína de choque frío que desempeñan un papel en la adaptación a las bajas temperaturas; estas bacterias no formadoras de esporas, no fermentan ni oxidan los hidratos de carbono, sino que obtienen energía de la degradación de aminoácidos, o de los intermediarios del ciclo de los ácidos tricarboxílicos (Natsos et al., 2019).

El género *Campylobacter* incluye 31 especies con 10 subespecies García-Sánchez et al., (2018), de las cuales las principales causantes de gastroenteritis en humanos son *C. jejuni*, *C. coli* y *C. lari*, otras especies como *C. concisus*, *C. upsaliensis*, *C. ureolyticus*, *C. hyointestinalis* y *C. sputorum*, son consideradas especies "emergentes", se han asociado con gastroenteritis y



periodontitis (Facciola *et al.*, 2017). “En humanos, los signos clínicos de Campilobacteriosis incluyen diarrea, dolor abdominal, fiebre, dolor de cabeza, náuseas y vómitos. La mayoría de los casos de Campilobacteriosis son esporádicos y autolimitados, pero existen complicaciones posteriores a la infección, por ejemplo, el síndrome de Guillain-Barrés (Hansson *et al.*, 2018).

**Campylobacter spp.** es una bacteria comensal del tracto gastrointestinal de muchos animales salvajes (aves como patos y gaviotas), animales de granja (bovinos y cerdos) y animales de compañía (como perros y gatos); así como también predomina en todas las especies de aves aptas para el consumo humano, considerándose el principal nicho ambiental y la principal vía de transmisión la cual se produce por vía fecal-oral a través de la ingesta de agua y alimentos contaminados; el consumo de carne de aves representa el 50-70% de los casos humanos de Campylobacteriosis, también “han indicado que la prevalencia de colonización por *Campylobacter spp.* en bovinos varía ampliamente, incluso entre 0-80%, mientras que en ovinos ronda el 20%” (Facciola *et al.*, 2017).

**Listeria spp.**, son pequeños bacilos Gram positivos (de 0,5 a 4  $\mu$ m de diámetro y de 0,5 a 2  $\mu$ m de longitud), no forman esporas, anaerobios facultativos, catalasa positivos y oxidasa negativos; de acuerdo con los antígenos somáticos (O) y flagelares (H), se han identificado 13 serotipos en *Listeria monocytogenes*, incluidos 1/2a, 1/2b, 1/2c, 3a, 3b, 3c, 4a, 4ab, 4b, 4c, 4d, 4e y 7; los alimentos o el entorno de producción de alimentos suelen estar contaminados con los serotipos 1/2a, 1/2b, 1/2c y 4b; la temperatura óptima de crecimiento de *L. monocytogenes* es de 30–37 °C, pero puede sobrevivir entre 0 y 45 °C por lo tanto puede multiplicarse a temperaturas de refrigeración, es resistente a los desinfectantes y se adhiere a diversas superficies. *L. monocytogenes* es la principal causa de listeriosis transmitida por alimentos en humanos, ésta puede causar gastroenteritis febril, pero en personas susceptibles como niños, ancianos,

inmunocomprometidos y mujeres embarazadas puede provocar septicemia y meningitis; se ha informado de la prevalencia de *L. monocytogenes* en diferentes productos avícolas, tanto crudos como cocinados (Jamshidi & Zeinali, 2019). “Por lo general, los casos esporádicos y los brotes de Listeriosis se han asociado con los alimentos listos para el consumo que se mantienen durante períodos prolongados en refrigeración o temperaturas de enfriamiento que permiten el crecimiento en cantidades elevadas en el momento del consumo” Buchanan et al., (2017), tal es el caso de las carnes y productos cárnicos. *Listeria* tiene la capacidad de crear biopelículas en cualquier superficie, esto le facilita al microorganismo resistir a cualquier tratamiento de higiene y desinfección en el sector de los alimentos (Ripollés Ávila, 2018), la formación de biopelículas de este microorganismo, depende de la temperatura y la disponibilidad de nutrientes (Vidaković Knežević et al., 2023).

**Escherichia coli** es uno de los microorganismos modelo mejor caracterizados; es anaerobio facultativo no esporulante Gram negativo, forma parte de la microbiota intestinal de los vertebrados; entre las especies de huéspedes potenciales que *E. coli* puede colonizar, se encuentran los mamíferos, las aves y los reptiles (Yu et al., 2021). Es un bacilo Gram negativo de entre 1,1 - 1,5 x 2 - 6  $\mu\text{m}$  perteneciente a la familia *Enterobacteriaceae*, no forman esporas y son móviles gracias a flagelos peritricos; son aerobios y anaerobios facultativos por lo que disponen de metabolismo respiratorio y fermentativo; son oxidasa-negativos y forman ácidos y gas a partir de carbohidratos fermentables; son mesófilos típicos, ya que pueden crecer a temperaturas comprendidas entre 7 °C y 50 °C, su crecimiento óptimo es de 37 °C, con valores de pH próximos a la neutralidad y un valor mínimo de actividad de agua de 0,95 (Rípodas Navarro et al., 2017).

Existen más de 100 serotipos de *E.coli* productoras de toxina Shiga asociados con infecciones humanas, el serotipo O157:H7 es el más estudiado y regulado en alimentos ya que la mayoría de los brotes y casos de Síndrome Urémico Hemolítico SUH se han relacionado con éste (Vélez et al., 2023). El serotipo O157:H7 de *E. coli* se reconoció por primera vez en 1982 en Oregón y Michigan como un agente causante de brotes de contaminación alimentaria; desde entonces, se han informado numerosos brotes de *E. coli* O157:H7 en todo el mundo (Bigeon, 2016). Durante el 2003 al 2012, en los Estados Unidos se documentaron 390 brotes de infecciones por *E. coli* O157:H7, 4928 enfermedades, 1272 hospitalizaciones y 33 decesos; los síntomas causados por esta cepa incluyen dolor abdominal, diarrea acuosa y posible progresión a colitis hemorrágica (Li et al., 2017; Smith & Fratamico, 2018). Las características patológicas de la colitis hemorrágica se atribuyen a la producción de citotoxinas tipo Shiga (Stx1 y Stx2), que consisten en una subunidad A de 32 kDa y cinco subunidades B idénticas de 7,7 kDa (Galli, 2012; Paba Bossio, 2007). Estas toxinas pueden unirse a los receptores ubicados en las membranas de las células eucariotas interrumpiendo la síntesis de proteínas del huésped y provocando la muerte celular apoptótica (Galli, 2012).

La importancia clínica y la carga económica asociadas con los brotes causados por *E. coli* O157:H7 y *E. coli* productora de toxina Shiga - STEC no O157 han llevado al desarrollo de una variedad de métodos de detección; estos incluyen la aplicación de métodos bacteriológicos convencionales que utilizan medios selectivos o agar cromogénico, que generalmente tardan varios días en completarse, y ensayos de base molecular como los métodos basados en PCR, microarrays, y secuenciación genómica completa (WGS); de estos métodos moleculares, la PCR en tiempo real es un método comúnmente utilizado ya que permite que la detección coincida con el proceso de amplificación mediante la introducción de sondas fluorogénicas, y la PCR en

tiempo real multiplex permite que múltiples genes se amplifiquen simultáneamente a partir de una plantilla o múltiples plantillas utilizando diferentes cebadores (Li et al., 2017).

## **Bibliometría**

Es el estudio de la ciencia y la evaluación de la producción científica; los estudios bibliométricos tienen por objeto el tratamiento y análisis cuantitativo de las publicaciones científicas, constituyendo en la actualidad la herramienta esencial para el conocimiento de la actividad investigadora, aportando datos sobre la situación científica de un país o tema de investigación, permitiendo evaluar el rendimiento de la actividad científica y su impacto en la comunidad (Tomás-Górriz & Tomás-Casterá, 2018).

También se define como la metodología científica de la ciencia de la información que compone la aproximación cuantitativa y facilita la producción de la teoría general de esta ciencia; se ha desarrollado como el estudio de la ciencia y su evaluación como producción científica; se puede dividir en descriptiva y evaluativa, la descriptiva se centra en el estudio de determinadas características de la literatura científica como su distribución geográfica, evolución temporal, y estudio de disciplinas científicas, y la evaluativa estudia la relación entre distintos componentes de la literatura (García Rubio, 2018).

## **Software R studio o Posit Cloud**

R es un software estadístico que se utiliza en muchas disciplinas; al ser de acceso libre y fácil de usar, es la herramienta más utilizada para el análisis de datos y big data (Jahuey Martinez et al., 2022). Además, R es un programa de última generación, siendo un lenguaje de programación, lo cual lo hace muy versátil; R proporciona muchísimas herramientas estadísticas

para el análisis de datos (Kim, 2019; Lorenzo Hernández, 2022). La dirección URL es la siguiente <https://posit.cloud/>

El sitio R Studio Cloud es un sitio gratuito mantenido por RStudio.com; en él, cualquier persona puede registrarse y gozar del uso de este entorno de desarrollo, para crear sus propios proyectos y mantenerlos almacenados en la nube, es decir tiene las mismas características que el software R studio, si no que R studio cloud está alojado en la nube (No et al., 2022).

Según Duque et al. (2021), las diferentes herramientas de R studio, permiten arrojar los siguientes datos: histórico de la producción científica, producción científica por países, autores de mayor producción científica, revistas de mayor producción científica, análisis de red (metáfora del árbol de la ciencia), en este último se describen la raíz, tronco y por último las hojas, las cuales son las líneas de investigación más relevantes de la temática o clúster, entre otras. Los artículos o documentos científicos en las raíces son los clásicos o hegemónicos, mientras que los del tronco se consideran publicaciones estructurales, y los documentos científicos actuales son las hojas (Valencia-Hernandez et al., 2020). Además, utilizando la metáfora del árbol de la ciencia, se puede obtener el Indegree (número de citas de un artículo), el Outdegree (número de citas que un grupo específico cita a otros); y el Betweenness (grado de centralidad de las citas en la red) este último, se refiere a cuando el artículo es citado y cita a los demás (Duque, Meza, et al., 2021).

## **Bibliometrix**

Bibliometrix es un software integrado en Rstudio, para el estudio cuantitativo en cienciometría y bibliometría, facilita rutinas para extraer datos bibliográficos desde Scopus, Clarivate Analytics, Web of Science, PubMed y bases de datos Cochrane, desarrollando

investigaciones bibliométricas, análisis y elaboración de matrices de datos para co-citación, ajuste, análisis de colaboración científica y análisis de co-palabras (Aria & Cuccurullo, 2017).

### **Metáfora del Árbol de la Ciencia (MAC)**

Desde el punto de vista filosófico, es la estructura principal del conocimiento asociada a un árbol, la cual está expresada en un gráfico, lo que da a entender que nunca se podrá alcanzar un saber total (Nubiola, 2001).

El Árbol de la Ciencia es una metáfora ilustrativa utilizada para representar la unidad de la ciencia y la pluralidad de los saberes; es una imagen muy gráfica que permite visualizar la naturaleza tridimensional de la ciencia: su conjunto de disciplinas, sus conexiones y sus ramificaciones; permite entender cómo los diferentes saberes se relacionan entre sí, cómo interactúan y cómo la investigación científica se despliega en todas sus dimensiones (Nubiola, 2006). Esta metáfora es una herramienta útil para comprender la complejidad y diversidad de la ciencia y para explicar cómo se estructuran y desarrollan los conocimientos científicos.

La MAC elabora una red de referencia para detectar los documentos más importantes en el interior de un área del conocimiento partiendo de la aplicación de métricas de gráficos (Uribe et al., 2022; Zuluaga et al., 2016).

Para la elaboración del árbol se cuantifican tres indicadores bibliométricos: el primero, es el Indegree, que nos facilita saber las veces que un artículo se ha citado; segundo, el Outdegree, que facilita determinar las veces que un artículo ha citado otros números de conexiones de cada documento (Wallis, 2007); y, tercero, se encuentran los betweenness, que hacen alusión al grado de intermediación y centralidad de cada componente dentro de la red (Duque et al. 2021) este

indicador señala cuándo un documento es referenciado y referencia a otros (Freeman, 1977; Zhang & Luo, 2017).

En la MAC, se encuentran las siguientes estructuras:

**Raíz:** Aquí se encuentran los artículos que integran la raíz, son documentos cuyo indegree es el superior, es decir, reúne escritos de alta referenciación, evidenciando su carácter clásico y hegemónico, se caracterizan por ser los más antiguos, poseen alto indegree, es decir tienen un alto número de citas, pero no citan a otros (Duque, Meza, et al., 2021).

**Tronco:** Aquí se encuentran los documentos con un elevado grado de intermediación, es decir los estructurales (Duque & Cervantes-Cervantes, 2019). En este ítem, se encuentran artículos un poco más recientes en comparación con los de la raíz, los cuales se conectan entre sí, porque los documentos aquí ubicados citan a los documentos de la raíz, es decir alto betweenness, porque citan pero al mismo tiempo son citados por los demás (Duque, Meza, et al., 2021).

**Hojas:** Este ítem se caracteriza por tener alto outdegree, es decir permite determinar las veces que un artículo ha citado otros números de conexiones de cada documento, se caracterizan porque tienen pocas citas; se centra en los artículos más recientes, y que citan los demás (Wallis, 2007), estos estudios evidencian las inclinaciones vigentes en las que se encuadran los estudios en el área, estableciéndose como punta de lanza de investigaciones emergentes (Duque, Meza, et al., 2021).

## **Mapeo bibliométrico**

Son figuras o estructuras esquemáticas que simbolizan las palabras, actividades, pensamientos u otros términos ligados y dispuestos de manera radial alrededor de una palabra clave o de un concepto central; estos mapas son fuertes instrumentos, para el análisis de la estructura y movilidad de un campo científico; las diferentes formas de mapas bibliométricos son: 1) dimensiona la estructura de un área de la ciencia, 2) evidencian la relación entre autores o revistas referenciados en co-citación y 3) destacan relación entre palabras clave basadas en la coocurrencia, entre otros (Sampieri & Trejo, 2015).



## Metodología

### **Examinación de los datos bibliográficos a través de la herramienta R studio, acerca de las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa aplicadas en la identificación de *Salmonella spp.*, *Campylobacter spp.*, *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en carnes frescas y en algunos productos cárnicos procesados crudos y cocidos**

Para la búsqueda de la información bibliográfica, se accedió a la biblioteca virtual de la UNAD y se utilizaron las bases de datos de Scopus y WoS, teniendo en cuenta los criterios de inclusión (ver Tabla 1) y la ecuación de búsqueda (ver Tabla 2). Las bases de datos WoS y Scopus facilitaron la obtención de resultados de búsqueda más amplio del área de conocimiento (Echchakoui, 2020), además, son las principales bases de datos a nivel mundial (Bar-Ilan, 2010; Zhu & Liu, 2020).

Luego, se procedió a realizar un rastreo preliminar de los documentos bibliográficos, teniendo en cuenta las denominaciones de los tipos de productos cárnicos procesados crudos y cocidos, para delimitar y establecer la ecuación de búsqueda de las referencias bibliográficas (ver Tabla 2).

**Tabla 1.**

*Criterios de inclusión de referencias bibliográficas*

<b>Criterio de inclusión</b>	<b>Descripción</b>
CI-1	Publicaciones en todos los idiomas
CI-2	Periodo de publicación del 1 de enero del 2000 al 31 de diciembre del 2022
CI-3	Artículos científicos
CI-4	Todos los tipos de revistas en las bases de datos seleccionadas

*Nota.* Elaboración propia (2023).

**Tabla 2.**

*Criterios de Búsqueda de referencias bibliográficas en las bases de datos de WoS y Scopus, de las PCR usadas en la detección de microorganismos patógenos en alimentos cárnicos procesados y no procesados.*

<b>Bases de Datos</b>	<b>Web of Science</b>	<b>Scopus</b>
<b>Periodo de Consulta</b>	2000 – 2022	
<b>Fecha de Consulta</b>	11/2/2023	
<b>Criterios de Búsqueda</b>	Título	
<b>Tipo de documento</b>	Artículos científicos	
<b>Tipo de Revista</b>	Todas	
<b>Términos de Búsqueda</b>	(("Polymerase chain reaction" or "PCR") and ("Salmonella" or "Campylobacter" or "Listeria monocytogenes" or "L. monocytogenes" or "Escherichia coli" or "E. coli") and ("meat" or "fresh* meat*" or "processed meat* product*" or "processed meats" or "mortadella" or "sausage" or "ham" or "chorizo" or "cabano" or "blood pudding" or "devil's meat" or "liver pate" or "pernil" or "meatball" or "bacon" or "salami" or "hamburger" or "Deli meats"))	
<b>Resultados</b>	116	151
<b>Total</b>	168	

*Nota.* Elaboración propia (2023).

Los datos bibliográficos encontrados mediante la ecuación de búsqueda fueron cargados al software R Studio Cloud (Posit Cloud) (ver apéndice A), obteniéndose el mapeo y la producción científica, luego se procedió con la organización de la información a partir de los resultados del software. En esta etapa se analizaron los datos bibliométricos los cuales incluyen: análisis histórico de la producción científica, análisis de la producción científica por países, análisis de revistas, análisis de autores de mayor producción científica, red de cocitaciones, red de colaboración de autores, red de colaboración entre países, red de coocurrencia de palabras y análisis de revistas de mayor producción científica. La herramienta usada para el estudio bibliométrico es Biblometrix de R-Studio (Aria y Cuccurullo, 2017), esta es un paquete gratuito, que ayuda el trabajo con distintas bases de datos (Scopus y WoS), sus aplicaciones son diversas, además ha sido usada y verificada por otros estudios (Acevedo et al., 2020; Di Vaio et al., 2021; Duque, Trejos, et al., 2021; Duque-Hurtado, Samboni-Rodriguez, et al., 2020; Landinez et al., 2019; Queiroz & Fosso Wamba, 2021; Rabelo Florez, 2022; Secinaro et al., 2022; Tani et al., 2018)

**Construcción de la metáfora del árbol de la ciencia de acuerdo a los resultados obtenidos a través de la herramienta R studio, acerca de las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa aplicadas en la identificación de *Salmonella spp.*, *Campylobacter spp.*, *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en carnes frescas y en algunos productos cárnicos procesados crudos y cocidos**

Las citas bibliográficas fueron estructuradas a través de la red de citas empleando la teoría de gráficas, esta es una etapa que facilitan datos acerca de la tipología, contrastes de la malla, y de los datos que la estructuran (Wallis, 2007; Yang et al., 2016). Posteriormente, se utilizaron 3 señalizadores bibliométricos: el Indegree (número de referencias de un documento),

el Outdegree (número de referencias recientes que un grupo de autores específico cita a otros, pero estos no son referenciados) (Wallis, 2007); y el Betweenness (Freeman, 1977) este último, se refiere a cuando el artículo es citado y cita a los demás (Zhang & Luo, 2017). Para ser posible la examinación gráfica de la red de información del área de este estudio, se empleó la herramienta Gephi de Rstudio (Bastian et al., 2009).

Con base en lo anterior, se realizó el análisis de red (metáfora del árbol de la ciencia), en este ítem se describió la raíz y se clasificaron como los documentos de mayor indegree, indicando su estatus canónico y predominante, también está el tronco, que son aquellos cuyo betweenness o intermediación son los más altos y por último las hojas, las cuales son las líneas de investigación más relevantes de la temática o clúster (Rabelo Florez, 2022).

A partir de la metáfora del árbol de la ciencia, se obtuvo la evolución de la PCR en la detección de patógenos en carnes y productos cárnicos procesados, también se identificaron las bacterias y los serotipos más contaminantes de estos alimentos y los tipos de PCR más usados en su detección. Además, se lograron relacionar los genes bacterianos más amplificados y se describieron variables como: límites de detección, especificidad y tiempo de análisis de cada uno de los tipos de PCR encontrados.

Lo anterior permitió analizar la bibliografía, acerca de las diversas Técnicas de Reacción de la Cadena de la Polimerasa usadas para la detección de *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en carnes frescas y algunos derivados cárnicos crudos y cocidos (BTPAC).

## Resultados

### Capítulo 1: Productividad – Bibliometría

Examinación de los datos bibliográficos a través de la herramienta R studio, acerca de las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa aplicadas en la identificación de *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* en carnes frescas y en algunos productos cárnicos procesados crudos y cocidos

Una vez aplicado los criterios de búsqueda mencionados en la metodología, se obtuvieron 116 documentos en WoS y 151 registros en Scopus (ver Tabla 3), después de la exclusión de los duplicados, se alcanzaron 168 registros en total, lo que corresponde a una sobreposición del 58.9 %, evidenciando la relevancia de usarlas juntas.

**Tabla 3.**

*Resultados de los criterios de búsqueda de referencias bibliográficas en las bases de datos de WoS y Scopus, de las PCR usadas en la detección de microorganismos patógenos en alimentos cárnicos procesados y no procesados.*

Bases de Datos	Web of Science	Scopus
<b>Resultados</b>	116	151
<b>Total</b>	168	

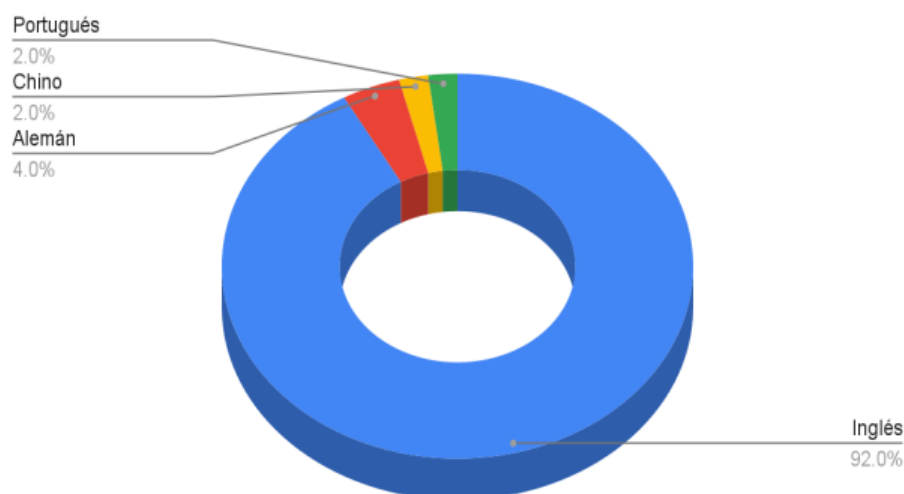
*Nota.* Elaboración propia (2023).

Como producto se encontró que el 92% de los documentos publicados sobre el tema objeto de este estudio, en las bases de datos WoS y Scopus están en inglés (ver Figura 1), ya que se ha convertido en el idioma universal de la publicación científica (Ángel et al. 2020). Además, según Vera-Baceta et al. (2019), esto se debe a que los investigadores y los editores de las

revistas científicas postulan y publican sus trabajos en este idioma, con el propósito de aumentar el índice H.

### Figura 1.

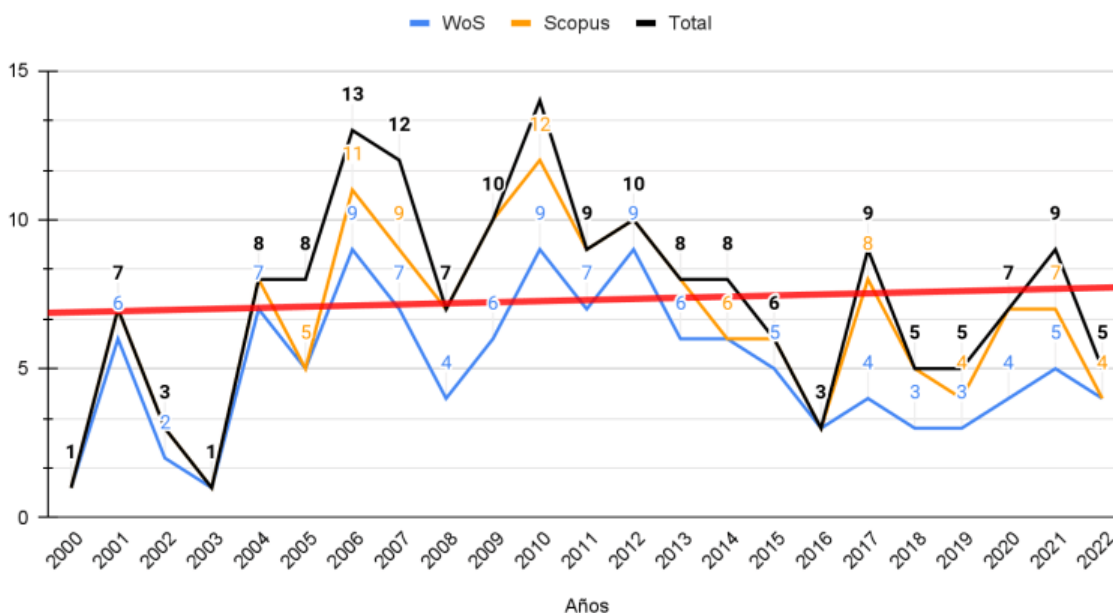
#### *Idiomas de las publicaciones encontradas*



Nota. Elaboración propia (2023)

#### *Análisis histórico de la producción científica*

En la Figura 2, se registran el número de trabajos científicos que se han divulgado sobre el tema de BTPAC, entre los años 2000 y 2022. De acuerdo a los productos emitidos por las fuentes de información científica de WoS y Scopus, se evidenció que el tema presentó un ligero incremento en los diferentes años. Se resalta que en los últimos 10 años tuvo un incremento en la producción científica del 38,7% y con una tasa de incremento anual del 7,25%. Estos registros ponen en evidencia un aumento del interés del gremio académico y científico en esta área de la información científica. También se resalta en la Figura 2, hubo picos de producción científica en los años 2006 y 2010.

**Figura 2.***Histórico de publicaciones - Scopus, WoS y Total*

*Nota.* Elaboración propia (2023)

Según el gráfico anterior, se observa que Scopus tiene mayor número de publicaciones que WoS, esto se debe a que Scopus agrupa más de 39000 revistas indexadas y WoS solo alberga 18000 revistas aproximadamente (Duque y Cervantes-Cervantes, 2019).

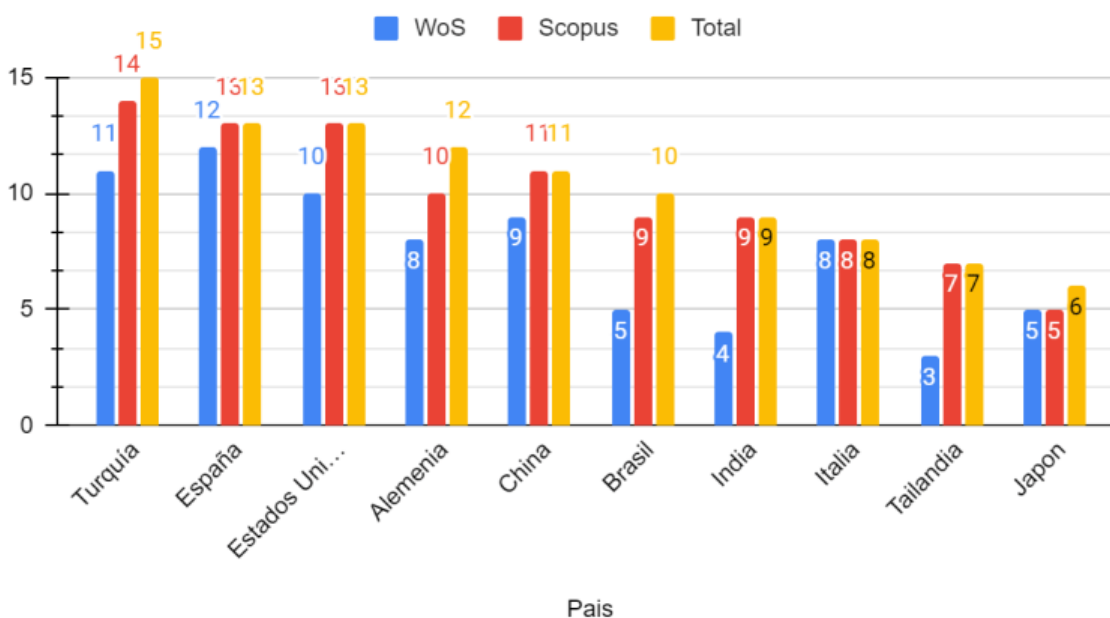
### ***Análisis por países de la productividad científica entre los años 2000-2022***

En la Figura 3, se enlista la productividad científica por países, destacando los 10 principales a nivel internacional. El primer lugar lo encabeza Turquía con 15 documentos (8,93%), seguido por España y Estados Unidos con 13 (7,74%), publicaciones cada uno. Se distingue a Brasil como país suramericano en la sexta posición con un total de 10 artículos publicados. De los 10 países, 4 son europeos con un total de 48 publicaciones (28%), 4 son asiáticos con un total de 33 publicaciones (19,6%), 1 de América del Norte con un total de 13 publicaciones (7.7%) y 1 de América del Sur con un total de 10 publicaciones (5,95%). Los 10

primeros países representan el 61,25% de la productividad internacional de publicaciones referente al tema de BTPAC.

**Figura 3.**

*Producción por países - WoS, Scopus y Total*



*Nota.* Elaboración propia (2023)

### ***Análisis de Autores de la productividad científica entre los años 2000-2022***

En la Tabla 4 se enlistan los 10 investigadores con mayor número de publicaciones en el tema de BTPAC, organizadas por la cantidad de documentos científicos registradas en WoS y Scopus, también se anotan el número de referencias y el Índice-H (es un indicador que cuantifica la productividad de cada investigador, (Hirsch, 2005). El listado es liderado por De Medici, Dario, vinculado al Instituto Superior de Salud - Italia (7 publicaciones, 3259 citaciones y un índice H de 32). Seguida por Delibato, Elisabetta, vinculada al Instituto Superior de Salud - Italia (7 publicaciones, 1059 citaciones y un índice H de 19). Se advierte que Garriga, Margarita, vinculada al Instituto de Investigación y Tecnologías Agroalimentarias - España, se encuentra en



el puesto número 7 de la lista, según Scopus con un número de citas de 6734 y con un índice H de 48, pero solo tiene 4 publicaciones. También, se resalta a Aymerich, Teresa, vinculada al Instituto de Investigación y Tecnologías Agroalimentarias - España, que se encuentra en el puesto número 3 de la lista, según WoS con un número de citas de 4830 y con un índice H de 41. Se puede resaltar que, a pesar de que algunos investigadores tienen menos artículos publicados que otros, su índice H es mayor, significando que son autores científicos con mayor impacto dentro de la comunidad científica.

**Tabla 4.***Producción por Autores de la productividad científica entre los años 2000-2022*

Ítem	Autores	Total publicaciones	WoS			Scopus			Universidad
			Publicaciones	Citaciones	Índice H	Publicaciones	Citaciones	Índice H	
1	De Medici, Dario	7	7	2851	30	6	3259	32	Instituto Superior de Sanidad
2	Delibato, Elisabetta	7	7	815	17	6	1059	19	Instituto Superior de Sanidad
3	Aymerich, Teresa	5	4	4830	41	5	4777	40	Instituto de Investigación y Tecnologías Agroalimentarias -- IRTA
4	Hoorfar, Jeffrey	5	5	4100	33	5	4176	33	Universidad Técnica de Dinamarca
5	Carli, Kamil Tayfun	4	3	261	9	4	464	11	Universidad de Bursa Uludag
6	Eyigör, Ayşegül	4	4	313	9	4	568	13	Universidad de Bursa Uludag
7	Garriga, Margarita	4	3	5545	46	4	6734	48	Instituto de Investigación y Tecnologías Agroalimentarias -- IRTA
8	Temelli, Seran	4	3	260	9	4	284	9	Universidad de Bursa Uludag
9	Alves, Juliane	3	3	76	3	3	119	5	Universidade Federal da Paraíba
10	Anniballi, Fabrizio	3	3	1219	20	2	213	19	Instituto Superior de Sanidad

*Nota.* Elaboración propia (2023)

### ***Análisis de Revistas de la productividad científica entre los años 2000-2022***

La Tabla 5, enlista las 10 revistas con mayor número de publicaciones sobre el tema de BTPAC. Se detallan los datos bibliográficos de las dos bases de datos más importantes (WoS y Scopus), además, se anotan el cuartil, el factor de impacto, el H-index, el país y el porcentaje de publicación. El 20,84% de las revistas están categorizadas en Q1. La revista con más publicaciones que aporta al tema tratado es la Journal of Food Protection de los Estados Unidos con 13 publicaciones en total, seguida de la Journal of Food Safety también de los Estados Unidos con 12 publicaciones en total. En tercera posición, se ubica la revista International Journal of Food Microbiology de los Países Bajos con 10 publicaciones en total. Según los anteriores datos, las tres primeras revistas son consideradas las más importantes en la temática de estudio, aportan el 20,83% de la producción total de la temática de estudio. De las 10 revistas principales, el 40% de estas son de Estados Unidos, otro 40% de los países bajos, el 10% de India y el otro 10% del Reino Unido. La revista con mejor H-index según Scimago Journal and Country Rank (SJR), es la International Journal of Food Microbiology con un Índice H de 199. La revista que tiene mejor Índice SJR es Meat Science con 1,3. En general, se puede evidenciar que, a pesar de que algunas revistas tienen menos publicaciones que otras, su índice H (SJR) y el índice SJR es mayor, lo que indica que son revistas con mayor impacto dentro de la comunidad científica.

**Tabla 5.***Producción por Revistas de la productividad científica entre los años 2000-2022*

Ítem	Revista	WoS	Scopus	Total	Porcentaje	Cuartil	SJR (2021)	H-Index (SJR)	País
1	JOURNAL OF FOOD PROTECTION	10	12	13	7.74%	Q2	0,54	144	Estados Unidos
2	JOURNAL OF FOOD SAFETY	11	12	12	7.14%	Q2	0,42	47	Estados Unidos
3	INTERNATIONAL JOURNAL OF FOOD MICROBIOLOGY	10	10	10	5.95%	Q1	1	199	Países Bajos
4	MEAT SCIENCE	5	5	7	4.17%	Q1	1,3	175	Países Bajos
5	LETTERS IN APPLIED MICROBIOLOGY	4	5	6	3.57%	Q2	0,59	116	Reino Unido
6	VETERINARY WORLD	NA	6	6	3.57%	Q2	0,46	35	India
7	FOODBORNE PATHOGENS AND DISEASE	5	5	5	2.98%	Q1	0,76	74	Estados Unidos
8	FOOD CONTROL	4	4	4	2.38%	Q1	1,08	135	Países Bajos
9	FOOD MICROBIOLOGY	4	4	4	2.38%	Q1	1,13	128	Estados Unidos
10	JOURNAL OF MICROBIOLOGICAL METHODS	4	4	4	2.38%	Q3	0,51	138	Países Bajos

*Nota.* Elaboración propia (2023)

***Redes de la productividad científica entre los años 2000-2022***

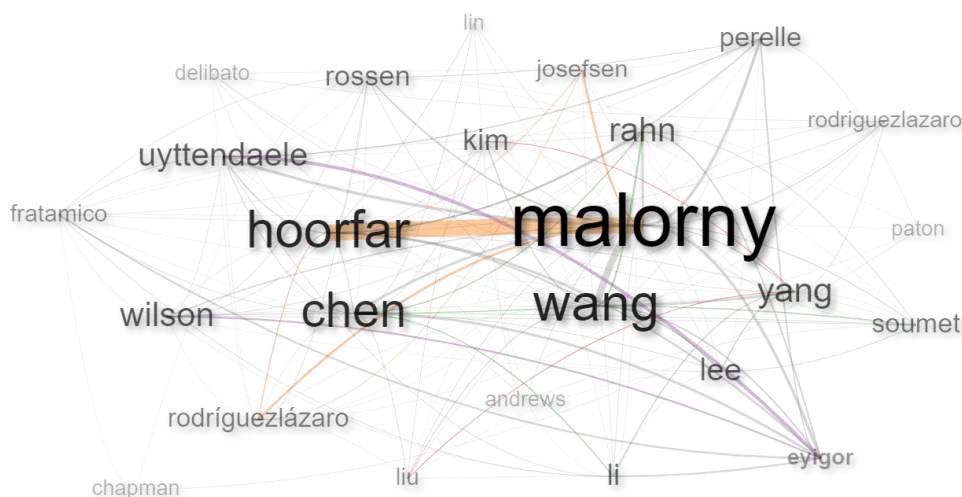
Las redes científicas evidencian las relaciones entre los artículos científicos y las revistas donde son publicadas (González-Valiente, 2019). Las redes de co-citación de palabras se utilizan para desentrañar la estructura cognitiva de un campo; las redes basadas en autores se utilizan para inferir la estructura intelectual de un campo, por último, se puede utilizar un mapa de revistas para obtener una macrovisión de la ciencia o para mostrar distinciones dentro de una disciplina (Calero Medina & Leeuwen, 2012).

En ese orden de ideas, la Figura 4, evidencia la red de cocitación de autores, es decir establecen una relación de co-ocurrencia a través de un tercero que los referencia (Miguel et al.,

2007; Sustacha et al., 2022). Lo anterior, facilita mostrar los investigadores más referenciados, en ese orden Burkhard Malorny del Instituto Federal de Evaluación de Riesgos y Hoorfar Jeffrey de la Universidad Técnica de Dinamarca son los más referenciados. Estos dos autores tienen una fuerte relación de cocitación, porque la línea que los une es gruesa y guardan afinidad temática.

#### Figura 4.

*Red de Cocitación de Autores de la productividad científica entre los años 2000-2022*



*Nota.* Elaboración propia (2023)

La Figura 5, señala la red de colaboración de autores, se evidencia el trabajo en 5 grupos, pero solo dos grupos se destacan, el primer grupo es el más representativo por su fuerte vínculo literario. Debido a la potencia de la colaboración referente a la cantidad de manuscritos publicados (Corrales-Reyes, 2017), está integrado por 4 investigadores, se destaca, De Medici Dario (Instituto Superior de Salud de Italia), Delibato Elisabetta (Instituto Superior de Salud de Italia), Hernández Marta (Instituto tecnológico Agrario de Castilla y León de España) y Rodríguez-Lázaro David (Universidad de Burgos de España), llama la atención el Instituto Superior de salud de Italia, en el cual trabajan De Medici Dario y Celibato Elisabetta, la relación literaria de estos investigadoras es significativa. El segundo grupo está integrado por 6 autores,

Aymerich Teresa (Instituto de Investigación y Tecnologías Agroalimentaria de España), Hugas Marta (Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria de Italia), Garriga Margarita (Instituto de Investigación y Tecnologías Agroalimentarias de España), Jofré Ana (Instituto de Investigación Tecnología Agroalimentaria de España), Rodríguez-Lázaro David (Universidad de Burgos de España) y Martín Belén (Instituto de Investigación y Tecnologías Agroalimentaria de España), se destacan en este grupo la colaboración literaria entre el Instituto Superior de Salud de Italia, Instituto tecnológico Agrario de Castilla y León de España y la Universidad de Burgos de España. Dar a conocer la relación entre grupos de colaboradores en diferentes países es importante porque conduce a la posibilidad de generar redes de investigación que potencien la generación de nuevo conocimiento.

**Figura 5.**

*Red de Colaboración de Autores de la productividad científica entre los años 2000-2022*



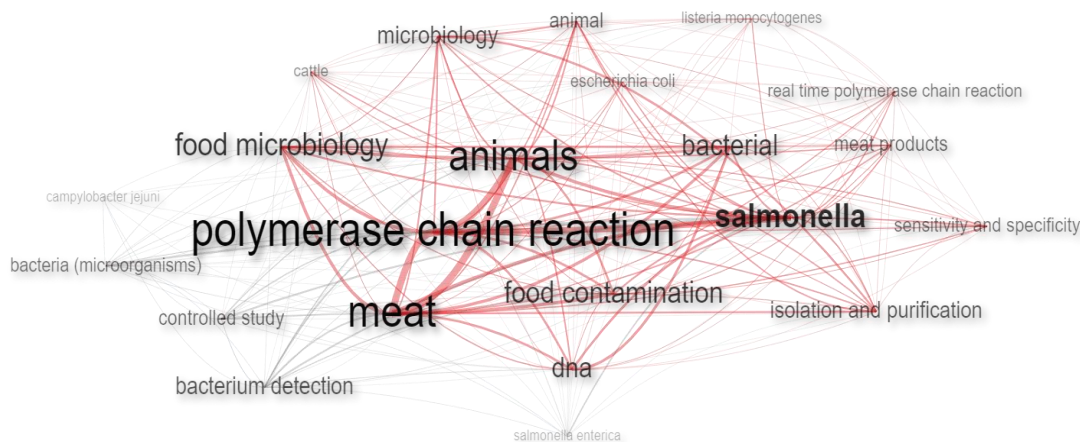
*Nota.* Elaboración propia (2023)

En la Figura 6, se encuentra la malla de colaboración entre naciones, sobresale España (13 publicaciones), China (11 publicaciones), Estados Unidos (13 publicaciones), Italia (8 publicaciones) y Alemania (12 publicaciones), como países principales en la producción



**Figura 7.**

*Red de Co-ocurrencia de Palabras Claves de la productividad científica entre los años 2000-2022*



*Nota.* Elaboración propia (2023)

## Capítulo 2. Metáfora del Árbol de la Ciencia

### *Análisis de Red de la productividad científica entre los años 2000-2022*

Como resultado, se obtiene una red de información del tema, conformada por las publicaciones obtenidas de las fuentes de información ya mencionadas y de sus respectivas citas bibliográficas. Esta red de cocitaciones, facilita la exploración de la organización de un área de la ciencia, además, permite el reconocimiento de nuevas líneas de investigación (Gurzki & Woisetschläger, 2017; Zuschke, 2020).

Se valoraron las mediciones de los señaladores bibliométricos para cada documento de la malla, lo que permitió organizar los trabajos aplicando la metáfora de árbol (Robledo et al., 2014; Valencia-Hernandez et al., 2020).

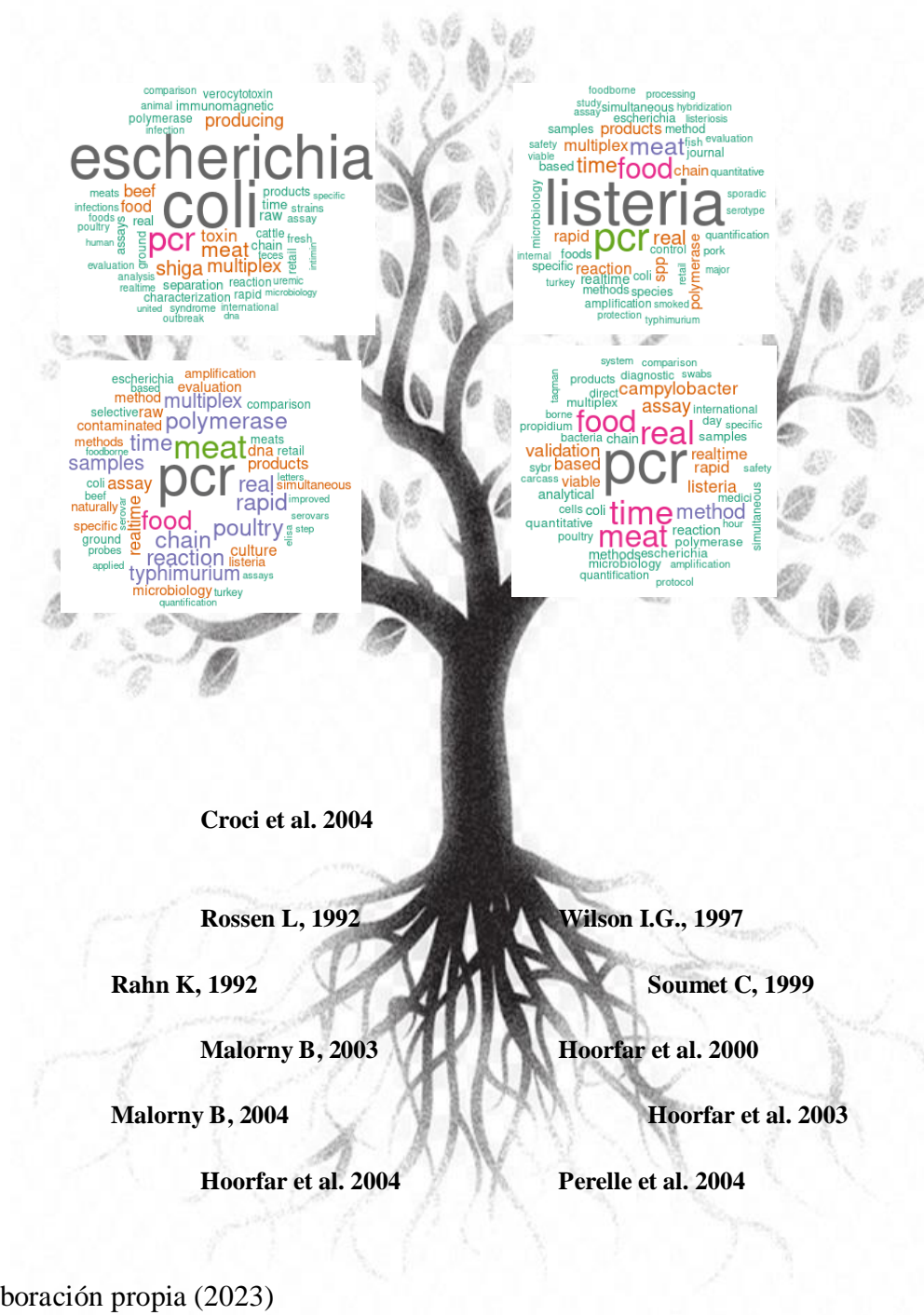
Para el estudio se seleccionaron los documentos con los datos más significativos (mayor indegree, betweenness y outdegree), y se organizaron usando el árbol de la ciencia; los documentos hegemónicos (raíz), los documentos de columna (tallo) y artículos recientes (hojas)



(ver Figura 8). Para identificar los grupos parecidos en el tema, se utilizó el algoritmo de clusterización según Blondel et al. (2008).

**Figura 8.**

*Árbol de la ciencia de la productividad científica entre los años 2000-2022*



Nota. Elaboración propia (2023)

## ***Raíz***

Los documentos que forman la parte baja del árbol de la ciencia de este documento de literatura son los trabajos de mayor indegree (artículos altamente referenciados), señalando su nivel principal y relevante. En este ítem, se revisaron 10 artículos como los más significativos según lo descrito previamente. En esta parte, se anotan estudios relacionados con contaminantes que tienen efecto inhibitorio en la PCR. También refieren que en algunos procedimientos no se utilizan las secuencias de Control de Amplificación Interno - (IAC) los cuales generan errores en la identificación. Se destaca el desarrollo y validación de la PCR en tiempo real, obteniendo buenos resultados.

Un estudio realizado en 1992, demostró que algunos compuestos presentes en los alimentos interfieren con el análisis de la PCR; para el ensayo utilizaron muestras de jamón cocido Danés en lonchas, salami Danés, ensalada de pollo con mayonesa, y dos tipos de queso Danés, y concentraciones de compuestos de dichos alimentos evaluados individualmente, evidenciando que sustancias como aceite, sal, carbohidratos y aminoácidos no presentaron efecto inhibitorio en comparación con la proteína hidrolizada la cual genera coagulación e inhibición de la PCR; también se encontró que sustancias como detergentes, lisozima, NaOH, alcoholes, *N,N*-Eicosanedioyl-Di-L-Glutamic Acid (EDGA) y Ethyleneglycol-bis(beta-aminoethylether)-*N,N'*-Tetraacetic Acid (EGTA), utilizados en los procedimientos de extracción de ADN tienen algún efecto inhibitorio; además algunos medios de cultivo (Fraser, MLEB, MRB y Rappaport) interfirieron con el análisis y para la mayoría de los medios fue posible asignar el efecto inhibitorio a uno o más componentes individuales de los mismos como el citrato férrico, sales biliares, esculina, acriflavina, entre otros (Rossen et al., 1992); en otro estudio refieren que los inhibidores comunes incluyen constituyentes de los alimentos (ej., compuestos orgánicos y

fenólicos, glucógeno, grasas y calcio ( $\text{Ca}^{2+}$ ) y compuestos ambientales (ej., compuestos fenólicos, ácidos húmicos y metales pesados); otros inhibidores más extendidos incluyen constituyentes de células bacterianas, ADN no diana, y artículos de laboratorio como polen, polvo para guantes, artículos de plástico de laboratorio y celulosa; sin embargo referencian que  $10^5$  UFC mL de bacterias nativas, no inhiben la amplificación específica del ADN diana de la *Escherichia coli* en muestras de alimentos (Wilson, 1997).

Ese mismo año, en un estudio se evaluó la amplificación de secuencias de nucleótidos dentro del gen *invA* de *Salmonella typhimurium* como medio para detectar *Salmonella* en alimentos exceptuando a *Salmonella typhi*; se examinó una colección de 630 cepas de *Salmonella* procedentes de aves de corral que comprende más de 100 serovares y también se estudiaron cepas distintas de *Salmonella*; como resultado obtuvieron un fragmento de ADN de 284 pb que se visualizó en geles de agarosa al 2%, solo 4 cepas de las 630 no fueron detectadas lo que se traduce en una sensibilidad del 99%; por otra parte el límite de detección del fragmento amplificado fue de 300 células y ninguna de las cepas distintas de *Salmonella* produjo el producto de amplificación específico (Rahn et al., 1992).

Algunos años después, un estudio analizó documentos referentes a la microbiología alimentaria, menciono alternativas de solución al inconveniente de la inhibición donde resaltó la dilución de la matriz y el cultivo de enriquecimiento, los cuales son métodos sencillos aunque pueden disminuir la sensibilidad; por otra parte el autor afirma que la separación inmunomagnética es el método más prometedor para utilizarse en lisados celulares demuestras complejas como los alimentos; este trabajo también revelo que algunos de los factores involucrados en la inhibición de la amplificación están localizados en el ADN diana, por no estar debidamente purificado; otra de las causas es la presencia de un elevado número de bacterias

diferentes a la de interés, e incluso algunas marcas de tubos de PCR pueden actuar como inhibidores del proceso aunque no se explica la razón; el estudio concluye afirmando, que a medida que se conocieran mejor los tipos de compuestos y el mecanismo de inhibición, permitiría desarrollar métodos de extracción y purificación simplificados y mejorados teniendo en cuenta el tipo de muestra (Wilson, 1997). En un estudio realizado posteriormente, refieren que es necesario realizar más estudios para evaluar la aplicación de *Salmonella* PCR a muestras biológicas complejas, ya que las sustancias inhibitorias inherentes a varias muestras pueden interferir con la amplificación (Hoorfar et al., 2000). Adicionalmente, en una revisión bibliográfica enfatizan en los criterios a tener en cuenta para estandarizar una PCR, basados en el proyecto FOOD-PCR de la Unión Europea, para la normalización de la PCR convencional como técnica diagnóstica de *E. coli*, *L. monocytogenes*, *Salmonella* ssp., *Campylobacter* ssp., *Yersinia enterocolitica*, principalmente en muestras de enjuague de canal de aves de corral, hisopo de canal de cerdo, hisopo de bovinos y leche; entre los resultados destacados del proyecto resaltan la elaboración de una guía y un kit bioquímico para la validación de diferentes tipos y marcas de termocicladores; también, una base de datos de diagnóstico PCR en línea donde se incluye información sobre tratamientos previos a la PCR, genes diana, cebadores y referencias literaria; con respecto a los criterios, afirman que el método basado en la PCR debe tener un alto grado de precisión analítica, un límite de detección bajo, elevada reproducibilidad, para lo cual será necesario realizar controles de prueba (control de amplificación interna, control de procesamiento negativo, control de procesamiento positivo y control de reactivos), también, el método debe tener un riesgo mínimo de contaminación, así como accesibilidad a los reactivos, simplicidad y velocidad para la obtención de los resultados (Malorny et al., 2003).

Posteriormente, un estudio evaluó un método basado en la Reacción en Cadena de la Polimerasa Multiplex (m-PCR) para la detección de *Salmonella enterica*, *Salmonella enteritidis* y *Salmonella typhimurium* a partir de hisopos ambientales de galpón de gallinas; en la metodología utilizaron tres protocolos diferentes antes de la PCR: Protocolo 1: una separación inmunomagnética; Protocolo 2: un procedimiento de extracción de ADN utilizando la matriz Instagene TM; Protocolo 3: Un paso adicional de cultivo en un medio MSR V - Semisólido Modificado RAPPAPORT-VASSILIADIS; como resultado se obtuvo que con los protocolos 1 y 2 se encontraron ocho resultados positivos por PCR, esto posiblemente por inhibición de la amplificación por componentes de los hisopos o por la presencia de un número de células inferior al límite de detección de  $10^4$ ; y con el método microbiológico tradicional se obtuvieron 20 resultados positivos; con el protocolo 3 que combina MSR V y PCR dio resultados similares a los obtenidos con métodos tradicionales y permitió la detección de *Salmonella* en 2 días; la sensibilidad del medio MSR V es mayor ya que solo se necesitan 60 ml de caldo de enriquecimiento para dar un resultado positivo en una placa de agar MSR V reduciendo así el número de análisis y, por tanto el costo, porque sólo se analizan por m-PCR aquellas muestras con una zona migratoria en una placa de agar MSR V, sin embargo este medio no puede detectar *Salmonella Typhi*, *Paratyphi A* y las cepas no móviles de *Salmonella*, pero su incidencia es relativamente baja (0,15%) en este tipo de muestras (Soumet et al., 1999).

Iniciando el siglo XXI, en un estudio desarrollaron una técnica de PCR automatizada, simple y lista para usar, basada en la tecnología TaqMan, como una herramienta adicional en la identificación de aislados de *Salmonella*, aportando una solución a la aparición de resultados falsos negativos (principalmente debido a la presencia de inhibidores de la ADN polimerasa o a la mala calidad del ADN objetivo) a partir de la construcción de una secuencia de control interna

amplificada por el mismo conjunto de cebadores que la secuencia objetivo; los autores resaltan que es importante desarrollar más investigaciones para examinar la aplicación de PCR taqman en la detección de *Salmonella* en muestras de alimentos complejos, ya que los compuestos inhibitorios innatos en diferentes muestras logran interferir con la amplificación (Hoorfar et al., 2000).

Debido a las reconocidas dificultades para reproducir las pruebas publicadas, por la variación en el rendimiento de los termocicladores de PCR, en la eficiencia de las diferentes polimerasas de ADN, a la presencia de inhibidores de PCR en la matriz de la muestra y la ausencia de un IAC (Hoorfar et al., 2003, 2004), han dificultado la implementación de las PCR en los laboratorios de usuarios finales, en coherencia con lo anterior, el Comité Europeo de Normalización - CEN, en cooperación con la ISO, ha planteado una directriz general para las pruebas de PCR, que consiste en la presencia de IAC en la mezcla de reacción, por lo tanto solo las PCR que contienen IAC pueden someterse a un ensayo colaborativo multicéntrico, que es un requisito previo para la estandarización (Hoorfar et al., 2003).

Para resolver esta situación, el mismo autor en otra investigación, realiza una serie de recomendaciones para una IAC óptima para su uso en la PCR: El ADN diana y el IAC deben compartir los mismos sitios de unión al cebador, esto evita la interferencia de dos pares de cebadores en una reacción múltiple; los amplicones de IAC deben distinguirse fácilmente de los amplicones de ADN diana; no es estrictamente necesario que las eficiencias de amplificación del ADN diana y del IAC sean idénticas; la concentración de IAC debe determinarse mediante titulación de acuerdo con el método descrito por Rosenstraus et al; la IAC debe añadirse a la mezcla de PCR para garantizar una distribución equitativa en todos los tubos de PCR; se deben utilizar tubos de polialómero para diluir el ADN de IAC, utilizando puntas de pipeta estériles y

resistentes a los aerosoles; la cantidad de IAC en el ensayo debe ser lo más baja posible, sin dejar de provocar una señal a través de la amplificación, esto maximizará el potencial de identificación de falsos negativos mediante la detección de la inhibición de la PCR y garantizará la detección fiable de bajas concentraciones objetivo (Hoorfar et al., 2004).

Hoorfar et al (2004), sugieren la aplicación del método competitivo donde la secuencia diana y el IAC se amplifican con un conjunto común de cebadores y en las mismas condiciones y en el mismo tubo de PCR; en esta estrategia, siempre hay cierta competencia entre el ADN objetivo y el IAC; y la cantidad de IAC es crítica para el límite de detección, si hay demasiados ADN IAC competirán con el producto de ADN objetivo y suprimirán la señal diana y si se utiliza a altas concentraciones, es posible que el IAC no detecte una inhibición débil, lo que podría causar resultados falsos negativos si la diana está presente en concentraciones muy bajas; con respecto al tamaño del IAC, recomiendan que el tamaño del IAC sea mayor que la secuencia objetivo, para garantizar la ventaja competitiva de esta última; debido a la competencia, si el ADN diana se amplifica, pero el IAC no, se supone que el ADN diana está presente en una cantidad proporcionalmente mayor, cuando esto ocurre, el resultado positivo es válido porque la amplificación de IAC es innecesaria, pero si no se amplifica ni el IAC ni el ADN diana, se supone que se ha producido la inhibición de la PCR y que la prueba para esa muestra no es válida.

Perelle et al., (2004) utilizaron PCR en tiempo real con LightCycler (LC-PCR) y un ensayo inmunoenzimático por PCR (PCR-ELISA) para detectar *Salmonella* en muestras de leche, muestras de pescado y carne de res picada; como resultado, los ensayos PCR-ELISA y LC-PCR demostraron el mismo nivel con cultivos puros de *Salmonella* con un límite de detección de  $10^3$  UFC/ml, que corresponde respectivamente a 50 y 10 células por tubo de PCR,

a pesar de ciertos problemas de inhibición, los ensayos LC-PCR y PCR-ELISA fueron altamente específicos y sensibles; luego Malorny et al. (2004), desarrollaron y validaron una PCR en tiempo real con nucleasa 5' (TaqMan), para la detección específica de *Salmonella enterica* y *Salmonella bongori* en alimentos (enjuagues de canales de pollo, carne picada, pescado y leche cruda), el ensayo utilizó cebadores diseñados específicamente y un objetivo de sonda dentro del locus *ttr*, además se incluyó en el ensayo un control de amplificación interno, que se coamplifica con los mismos cebadores que el ADN de *Salmonella*; el ensayo identificó correctamente las 110 cepas de *Salmonella*; se demostró que usando la PCR, la precisión diagnóstica de *Salmonella* es del 100 %, en comparación con el método de cultivo tradicional; el tiempo total de análisis del método de PCR fue de aproximadamente 24 h, en contraste con los 4 a 5 días de tiempo de análisis del método de cultivo tradicional.

### **Tronco**

En este apartado R studio, arrojó 1 publicación como la más significativa acerca del tema BTPAC. En esta parte del documento, se destacan los artículos cuyo betweenness sean representativos (investigadores que referencian a los de la raíz y de igual forma son referenciados por investigaciones más recientes - clústers). En esta categoría los autores comparan la metodología de la PCR con la metodología usada por la ISO. A continuación, se describe:

Evaluaron un ensayo inmunoabsorbente ligado a enzimas (ELISA) electroquímico, junto con un análisis de inyección de flujo (ELISA-FIA) y un método basado en PCR, que utiliza los cebadores ST11 y ST15, para detectar *Salmonella* en carnes de cerdo, pollo y ternera en comparación con el método de la Organización Internacional de Normalización (ISO) según el método ISO 6579/2002, las presuntas colonias de *Salmonella* se tipificaron serológicamente utilizando sueros comerciales; la técnica se aplicó a muestras de carne contaminadas



experimentalmente con *Salmonella* mediante el método ELISA-FIA y PCR, y contaminadas naturalmente compradas en tiendas minoristas locales; al comparar los dos métodos rápidos en comparación con el método ISO 6579/2002, se obtuvo como resultado que ambas pruebas son rápidas, eficientes y permiten el análisis simultáneo de numerosas muestras, además, tienen el mismo porcentaje de precisión, 100%, en comparación con el método ISO, por lo tanto se pueden utilizar como herramientas de garantía de calidad microbiológica en los sistemas de gestión de calidad de las industrias cárnicas (Crocì et al., 2004).

### ***Hojas (perspectivas)***

Con el estudio de literatura realizada, se organizaron 4 grandes perspectivas (clúster), mostradas en las Figuras 9, 10, 11 y 12, en esta temática de investigación, que simbolizan las tendencias de investigación más recientes del tema. A continuación, se presenta cada uno de ellos:

#### **Figura 9.**

##### *Clúster 1 – Escherichia coli, PCR, Carne*



*Nota.* Elaboración propia (2023)

En el clúster 1, se evidencia un aumento en la investigación relacionada con *Escherichia coli*, una de las investigaciones confirman a través de la PCR multiplex la presencia de *E. coli* en todo tipo de carne cruda expedida en tiendas, determinado la multirresistencia (multidrogoresistente - MDR), a través de las pruebas de susceptibilidad antimicrobiana frente a los antibióticos de uso frecuente, utilizando el método de difusión en disco; además mencionan que esta bacteria se distribuye ampliamente en las moscas domésticas y desempeñan un papel importante en la transmisión de bacterias resistentes a los antibióticos desde los ambientes contaminados (Chandrakar et al., 2022). En otro estudio, cuyo objetivo fue realizar una validación interna del método alternativo desarrollado basado en PCR multiplex (mPCR) bajo el siguiente ciclo térmico, 1 ciclo a 95 °C durante 2 minutos; 35 ciclos a 95 °C durante 30 segundos; 57,6 °C durante 30 segundos; 72 °C durante 30 segundos; y una extensión final a 72 °C durante 7 minutos, lo anterior para detectar *Escherichia coli* productora de toxina Shiga (STEC) en carnes cerdo, pollo y de res crudas siguiendo la norma ISO 16140-2, encontraron que los nivel relativo de detección de la mPCR desarrollada para STEC fue de 0.756, mostrando su potencial como herramienta para la detección rápida, específica y sensible de esta bacteria en la industria de la carne cruda (Jaroenporn et al., 2022).





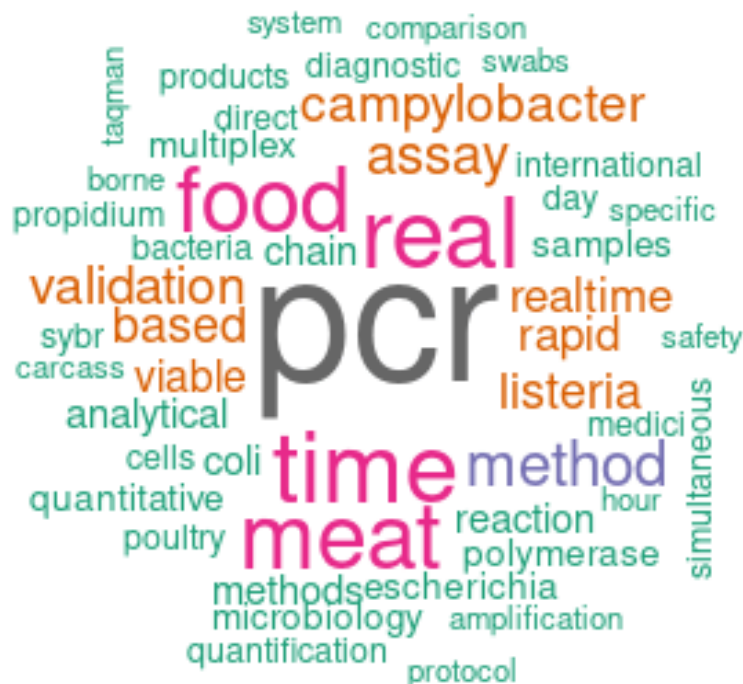
(ddPCR) y PCR en tiempo real, los ciclos térmicos para ddPCR fueron 15 min a 95 °C, luego 50 ciclos de 30 segundos a 94 °C y 1 minuto a 58 °C y un ciclo final a 98 °C durante 10 minutos; los ciclos térmicos para la PCR en tiempo real fue, 1 ciclo de 15 minutos a 95 °C, seguido de 50 ciclos de 30 segundos a 94 °C y 1 ciclo de 45 minutos a 58 °C, se utilizó como control interno una secuencia de ADN clonado de 410 pb en el vector de clonación pGEM-T Easy, como resultado luego de 24 horas de análisis, todas las muestras de carnes picadas crudas analizadas arrojaron amplificaciones positivas en ambas regiones del ADN (*invA* o *bipA*) para *Salmonella*, revelando una especificidad de cebador completa sin resultados falsos positivos o falsos negativos. En otro estudio, investigaron la ocurrencia de *Salmonella* spp. en carnes de pollo cruda por métodos de cultivo, ELISA y PCR, los ciclos térmicos utilizados en la PCR fueron, 1 ciclo de 94°C durante 3 minutos, seguido de 30 ciclos a 94°C durante 30 segundos cada ciclo, luego 1 ciclo de 51,6°C durante 30 segundos, luego 1 ciclo de 72°C durante 60 segundos y una extensión final a 72°C durante 5 minutos; como resultado *Salmonella* spp. se aisló en 34 de 200 (17 %) muestras de carne de pollo y el 83 % resultó negativo; *Salmonella* spp. se aisló de muestras de carcasa, pierna y ala de pollo entero en un 15 %, 20 % y 16,6 %, respectivamente; se detectó la presencia de *Salmonella* en un 34 %, 32 % y 26 % por cultivo clásico, PCR y ELISA, respectivamente (Aras et al., 2022).

Zhanabayeva et al., (2021), realizaron una investigación microbiana en aves de corral vendidas en el territorio de Mongolia para identificar serotipos y plásmidos de *Salmonella* y determinar el gen de virulencia que codifica la resistencia a los antibióticos y las propiedades de trans migración de *Salmonella*; la identificación genética de *Salmonella* se realizó mediante PCR Multiplex detectando la presencia de genes *invA* y los plásmidos DT 104, el ciclo térmico aplicado fue, el precalentamiento a 95°C durante 15 minutos, luego la desnaturalización a 94°C

durante 1 minuto, en la unión de los cebadores a 55°C durante 1 minuto, en la elongación a 72°C durante 30 minutos y una extensión final a 72°C durante 30 minutos; se identificó *Salmonella enteritidis* en canales de pollo de la empresa estadounidense Tyson, de la empresa china Xilingol y de una empresa nacional, también se detectó *Salmonella* y *Escherichia coli* en la carne de pollo; en cuanto a la detección de resistencia a los antibióticos de *Salmonella* en carne de pollo, se determinó por la presencia del segmento de ADN (878 pb) para cloranfenicol, para ampicilina 692 pb y para sulfatomicina 293 pb. En otro estudio evaluaron las muestras de carne (döner de pollo, döner de carne, productos de pollo, ternera y cordero) recolectadas de los mercados de Izmir y Balikesir, para determinar la presencia de *Salmonella* spp. y evaluar los perfiles de resistencia a antibióticos de esta cepa; la presencia de microorganismos en las muestras se determinó por el método Real-Time PCR, las condiciones del ciclo térmico fueron, 95°C en 10 minutos, luego 45 ciclos de 95°C durante 10 segundos, seguido de 60°C en 30 segundos y 72°C durante 1 segundo; se encontró que seis (27,3 %) de 50 muestras de carne de pollo cruda estaban contaminadas con *Salmonella*; el método de difusión de antibióticos en disco mostró que *Salmonella* spp. era resistente a penicilina G, sulfametoxazol, eritromicina y ampicilina (Irkin et al., 2021).

**Figura 12.**

Clúster 4 – *Campylobacter*, PCR, Carne



Nota. Elaboración propia (2023)

En este clúster 4, se relacionan estudios en la identificación de *Campylobacter* en muestras de carnes usando PCR. (Syarifah et al., 2020), identificaron las especies de *Campylobacter jejuni* y *Campylobacter coli* aisladas de carne de pollo utilizando qPCR en tiempo real, aplicando el siguiente ciclo térmico, 95°C durante 3 minutos, seguida de 40 ciclos de desnaturalización a 95°C durante 3 segundos, luego a 60°C durante 30 segundos y finalizando a 72°C durante 20 segundos, posteriormente analizaron las diferencias en los patrones de la curva de fusión de ambas especies; los resultados arrojaron que la prevalencia de *Campylobacter* spp. en la carne de pollo era del 61,9%; con respecto a la identificación, 23 aislamientos (41,07%) fueron *C. jejuni*; 22 (39,29%) *C. coli*; seis (10,71%) una mezcla entre *C. jejuni* y *C. coli*, y cinco aislamientos (8,93%) fueron *Campylobacter* spp., todos los aislamientos de *C.*

*jejuni* y *C. coli* produjeron patrones variados de curvas de fusión. Lo anterior evidencia la especificidad del ensayo con PCR cuantitativa para cada uno de los aislamientos.

En otro estudio, refieren que la descripción de la contaminación bacteriológica de los productos cárnicos varía en función de las condiciones climáticas, el nivel económico y el control de calidad; además se determinó que *Campylobacter* representó el 57% en carne contaminada de los casos presentados en Australia entre 1995 y 2000 (Whyte et al., 2002; Zhanabayeva et al., 2021). Seguidamente (Stingl et al., 2021), desarrollaron un método de viabilidad cuantitativa de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (v-qPCR), optimizado para la cuantificación de *Campylobacter termofílico* spp. para uso práctico y un estudio de validación completo según ISO 16140-2:2016, como resultado, lograron validar un ensayo interlaboratorio y *Campylobacter* sirvió como organismo modelo, desafiando a las UFC como "estándar de oro" y podría ayudar en la orientación para la aceptación general de los métodos de qPCR de diferenciación de vivos/muertos para la detección de patógenos transmitidos por los alimentos.

Lazou et al., (2021), abordaron las implicaciones dependientes del método durante la cuantificación de células viables de *Campylobacter coli* en la carne a lo largo del tiempo, se encontró que la PCR cuantitativa de monoazida de propidio MA-qPCR, utilizando el siguiente ciclo térmico 95°C durante 15 minutos, seguido de 45 ciclos en dos fases: (a) 95°C durante 30 segundos y (b) 60°C durante 50 segundos, este proceso superó el recuento de colonias clásico en términos de cuantificación de células de *C. coli* cultivables y viables pero no cultivables (VBNC), que se generaron con el tiempo en la carne y son potencialmente infecciosas e igualmente importantes desde una perspectiva de salud pública como su contrapartes cultivables.



## Conclusiones

En el 2006, 2007 y 2010 se presentaron picos de aumento en la atención del gremio académico y científico en el tema de BTPAC, esto es causado por la necesidad de validar y estandarizar técnicas de PCR que permitieran la detección de bacterias patógenas en carnes y productos derivados, de una manera rápida y confiable. Sin embargo, en los últimos años el número de producciones ha disminuido, pero no en comparación al inicio de los primeros años del 2000; lo anterior tal vez, por las nuevas tecnologías de detección de patógenos en alimentos.

Algunos de los países con mayor consumo anual por persona de carne son los Estados Unidos (119.4 kg), seguido por Kuwait con (97.5 kg), México (63 kg), Argentina (54.1 kg), Austria (65.6 kg) y Mongolia (49.3 kg) (Fajardo Rico, 2019), teniendo en cuenta lo anterior se esperaría que estos países lideraran la investigación de la calidad microbiológica de este alimento, sin embargo, solo un dato es congruente, puesto que Estados Unidos ocupa el tercer puesto en producción científica en el tema de BTPAC, el resto de países no figuran en la lista de los primeros 10 países de producción científica.

En países de América del Sur, según Scopus y Web Of Science es muy poca la investigación que se ha realizado acerca del tema de BTPAC; esto es coherente con el número de Enfermedades Transmitidas por Alimentos que se presenta en países de Sur América.

Dentro de las cuatro bacterias objeto de este estudio, *Salmonella* y *Listeria monocytogenes*, se destacan por ser las más estudiadas en cárnicos y sus derivados; cabe resaltar que los genes más usados en la detección de *Salmonella typhi* son *staA* y *viaB* y el gen *sopE* para todas las especies de *Salmonella*; en el caso de *Listeria monocytogenes* el gen *hlyA*.

La PCR ha logrado evolucionar desde sus inicios para lograr mejorar sus resultados, después de la PCR simple o convencional y sus limitaciones al arrojar falsos positivos, se

desarrollaron otras técnicas como la PCR anidada, PCR Taqman, la PCR múltiple con gran auge por permitir la detección rápida de varios microorganismos en una sola reacción, además, ha sido acoplada a otros métodos como a la cromatografía de alta resolución, ensayos inmunoenzimáticos (ELISA), separación por inmunoabsorción enzimática, separación inmunomagnética, entre otros, cabe resaltar también la PCR en tiempo real o cuantitativa la cual permite monitorear las amplificaciones a lo largo de la reacción aumentando así la confiabilidad del resultado; por supuesto no se puede dejar de mencionar a la PCR de tercera generación, la PCR droplet digital que ha causado impacto por la cuantificación con precisión de objetivos en cantidades muy reducidas, característico de bacterias patógenas presentes en la matriz carne; a pesar de la aparición de nuevas tecnologías en la identificación de bacterias patógenas en alimentos, esta técnica sigue vigente y evolucionando, para cumplir con las necesidades de la inocuidad alimentaria.

Según los artículos científicos verificados hasta el 2022, esta es la primera investigación de revisión bibliográfica y bibliométrica sobre BTPAC, la cual ha implementado el programa R studio, con el propósito de estudiar la producción científica en este tema. Este estudio, ayudó la revisión de una red que detalla la conexión de 168 artículos científicos durante 23 años, alcanzando a escoger los documentos hegemónicos, de estructura y publicaciones recientes, estos son de relevancia porque facilitó detectar las preferencias de investigación de estudio en este tema; transformándose en tendencia para la investigación del desarrollo y la actualidad sobre BTPAC.

Para terminar, el análisis bibliográfico presentado en esta monografía muestra algunas restricciones; 1) la indagación se desarrolló en Web of Science y Scopus, como producto los documentos que no se enlisten en este banco de datos, se excluyeron de este estudio. 2), las

pautas de búsqueda para BTPAC, quizás represente algunas limitaciones, ya que puede excluir términos claves referenciados a BTPAC. Para siguientes investigaciones se sugiere profundizar en esta temática, además, de adentrarse en las diferentes tendencias propuestas.

## Recomendaciones Finales

A continuación, se recomiendan temas para futuros estudios relacionados a BTPAC (Ver Tabla 6).

**Tabla 6.** *Perspectivas*

Perspectiva	Tema	Referencia
<i>Escherichia coli</i> , PCR, Carne	El ensayo de mPCR combinado con enriquecimiento en mSEB (medio de enriquecimiento simultáneo modificado) para detectar simultáneamente STEC, <i>L. monocytogenes</i> y <i>Salmonella</i> spp., debe probarse y validarse en otras categorías y tipos de alimentos estrictamente a conformidad con las directrices de la ISO 16140-2: 2016	(Jaroenporn et al., 2022)
	Se requiere seguir investigando para la validación mRTPCR de tubo único basada en EvaGreen para la detección simultánea de las tres bacterias objetivo con más cepas y diferentes muestras de alimentos.	(Bundidamorn et al., 2018)
<i>Listeria</i> , PCR, Carne	El método de separación inmunomagnética múltiple (mIMS) y qPCR multiplex reveló porcentajes de sensibilidad, especificidad y precisión del 100%, 98,1% y 98,5%, respectivamente, recomendando utilizar IMB (perlas inmunomagnéticas específicas de bacterias) de	(Fan et al., 2022)

---

	<p>tamaño micro (180, 300 y 600 nm) para evaluar muestras con una matriz compleja, particularmente aquellas con un gran volumen y una viscosidad relativamente alta</p> <p>El procedimiento de lisis de la matriz utilizando un tampón de lisis (1 M MgCl<sub>2</sub> y 50 mM Tris pH 7.6) combinado con PCR en tiempo real se presenta a la industria alimentaria como una excelente alternativa para cuantificar este patógeno en muestras de carne cruda.</p>	<p>(Labrador et al., 2021)</p>
<p><i>S. typhimurium</i>, PCR en tiempo real, Carne</p>	<p>Es necesario el estudio la detección de sustancias, que inhiban o eliminen los efectos de los microorganismos contaminantes en los alimentos y en la salud humana</p> <p>Seguir investigando la ddPCR, para utilizarse en estudios de rutina, acompañado de otros estudios de validación complementarios y así lograr reemplazar a la PCR en tiempo real o utilizarla como alternativa.</p>	<p>(Zhanabayeva et al., 2021)</p> <p>(Oz et al., 2020)</p>
<p><i>Campylobacter</i>, PCR, Carne</p>	<p>Seguir investigando en la optimización de técnicas moleculares, 'como PMA-qPCR', para lograr una cuantificación confiable de <i>Campylobacter</i>, reduciría considerablemente los requisitos en términos de</p>	<p>(Lazou et al., 2021)</p>

---

---

tiempo y costo.

Para futuras aplicaciones del novedoso método v-qPCR y para la adaptación de las consecuencias legales, más estudios deben evaluar el sesgo de subestimación de CFU dependiendo del tipo de muestra.

(Stingl et al., 2021)

---

*Nota.* Elaboración propia

### Referencias bibliográficas

- Acevedo, J., Robledo, S., & Sepúlveda, M. Z. (2020). *Subáreas de internacionalización de emprendimientos: una revisión bibliográfica. Economicas Cuc ISSN*, 42(1 (2021)), 1–19.
- Ajmera, A., & Shabbir, N. (2022). *Salmonella*. In *StatPearls [Internet]*. StatPearls Publishing.
- Ángel Rodríguez, N., Alpizar León, Y., & García Hernández, G. (2020). Importancia del idioma inglés en el campo de la Medicina. *Medicentro Electrónica*, 24(2), 413–421.
- Aras, Z., Sanioglu Gölen, G., & Kevenk, T. O. (2022). *Salmonella detection in different types of packed raw poultry meat by culture elisa and pcr methods*.  
<https://hdl.handle.net/20.500.12451/9250>
- Aria, M., & Cuccurullo, C. (2017). *Bibliometrix: An R-tool for comprehensive science mapping analysis. Journal of Informetrics*, 11(4), 959–975.
- Bar-Ilan, J. (2010). *Citations to the “Introduction to informetrics” indexed by WOS, Scopus and Google Scholar. Scientometrics*, 82(3), 495–506.
- Barrera R. N. A., Robledo G. S., & Zarela S. M. (2021). *Una revisión bibliográfica del Fintech y sus principales subáreas de estudio. Económicas CUC*, 43(1), 83–100.
- Bastian, M., Heymann, S., & Jacomy, M. (2009). *Gephi: An Open Source Software for Exploring and Manipulating Networks. Proceedings of the International AAAI Conference on Web and Social Media*, 3(1), 361–362.
- Bigeon, G. I. (2016). *Escherichia coli productor de toxina Shiga en alimentos: antecedentes y situación actual de la legislación alimentaria en Argentina*.  
<https://core.ac.uk/reader/46677442>
- Buchanan, R. L., Gorris, L. G. M., Hayman, M. M., Jackson, T. C., & Whiting, R. C. (2017). *A review of Listeria monocytogenes: An update on outbreaks, virulence, dose-response,*

- ecology, and risk assessments. Food Control, 75, 1–13.*
- Bundidamorn, D., Supawasit, W., & Trevanich, S. (2018). *A new single-tube platform of melting temperature curve analysis based on multiplex real-time PCR using EvaGreen for simultaneous screening detection of Shiga toxin-producing Escherichia coli, Salmonella spp. and Listeria monocytogenes in food. Food Control, 94, 195–204.*
- Calero M. C. M., & Leeuwen, T. N. (2012). *Seed journal citation network maps: A method based on network theory. Journal of the American Society for Information Science and Technology. 63(6), 1226–1234.*
- Chandrakar, C., Shakya, S., Patyal, A., Jain, A., Ali, S. L., & Mishra, O. P. (2022). *ERIC-PCR-based molecular typing of multidrug-resistant Escherichia coli isolated from houseflies (Musca domestica) in the environment of milk and meat shops. Letters in Applied Microbiology. 75(6), 1549–1558.*
- Chen, J.-Q., Healey, S., Regan, P., Laksanalamai, P., & Hu, Z. (2017). *PCR-based methodologies for detection and characterization of Listeria monocytogenes and Listeria ivanovii in foods and environmental sources. Food Science and Human Wellness. 6(2), 39–59.*
- Corrales-Reyes, I. E. (2017). *Co-authorship and scientific collaboration networks in Medwave. Medwave. 17(9), e7103.*
- Croci, L., Delibato, E., Volpe, G., De Medici, D., & Palleschi, G. (2004). *Comparison of PCR, electrochemical enzyme-linked immunosorbent assays, and the standard culture method for detecting Salmonella in meat products. Applied and Environmental Microbiology, 70(3), 1393–1396.*
- Cuadrado Cano, B. S., & Vélez Castro, M. T. (2018). *Contaminación microbiana en la industria*



*de los alimentos*. 81–119.

Das, A. K., Nanda, P. K., Madane, P., Biswas, S., Das, A., Zhang, W., & Lorenzo, J. M. (2020).

*A comprehensive review on antioxidant dietary fibre enriched meat-based functional foods*.

*Trends in Food Science & Technology*, 99, 323–336.

Di Vaio, A., Palladino, R., Pezzi, A., & Kalisz, D. E. (2021). *The role of digital innovation in*

*knowledge management systems: A systematic literature review*. *Journal of Business*

*Research*. 123, 220–231.

DNP. (2023). *Plan Nacional de Desarrollo 2023 - 2026*. Departamento de Planeación Nacional

de Colombia. <https://www.dnp.gov.co/Paginas/plan-nacional-de-desarrollo-2023-2026.aspx>

Duque-Hurtado, P., Samboni-Rodriguez, V., Castro-Garcia, M., Montoya-Restrepo, L. A., &

Montoya-Restrepo, I. A. (2020). *Neuromarketing: Its current status and research*

*perspectives*. *Estudios Gerenciales*. 525–539.

Duque, P., & Cervantes-Cervantes, L.-S. (2019). *Responsabilidad Social Universitaria: una*

*revisión sistemática y análisis bibliométrico*. *Estudios Gerenciales*. 451–464.

Duque, P., Meza, O. E., Giraldo, D., & Barreto, K. (2021). *Economía Social y Economía*

*Solidaria: un análisis bibliométrico y revisión de literatura*. *REVESCO Revista de Estudios*

*Cooperativos*. 138, e75566.

Duque, P., Trejos, D., Hoyos, O., & Chica Mesa, J. C. (2021). *Finanzas corporativas y*

*sostenibilidad: un análisis bibliométrico e identificación de tendencias*. *Semestre*

*Economico*. 24(56), 25–51.

Echchakoui, S. (2020). *Why and how to merge Scopus and Web of Science during bibliometric*

*analysis: the case of sales force literature from 1912 to 2019*. *Journal of Marketing*

*Analytics*. 8(3), 165–184.

- Ehuwa, O., Jaiswal, A. K., & Jaiswal, S. (2021). *Food Safety and Food Handling Practices*. Foods (Basel, Switzerland), 10(5). <https://doi.org/10.3390/foods10050907>
- Facciolà, A., Riso, R., Avventuroso, E., Visalli, G., Delia, S. A., & Laganà, P. (2017). *Campylobacter: from microbiology to prevention*. Journal of Preventive Medicine and Hygiene, 58(2), E79.
- Fajardo R. A. (2019). *Estudio de factibilidad financiera para la creación de una empresa empacadora al vacío de carne bovina madurada en Florencia, Caquetá*. <https://repository.unad.edu.co/handle/10596/28062>
- Fan, W., Gao, X.-Y., Li, H.-N., Guo, W.-P., Li, Y.-Y., & Wang, S.-W. (2022). *Rapid and simultaneous detection of Salmonella spp., Escherichia coli O157:H7, and Listeria monocytogenes in meat using multiplex immunomagnetic separation and multiplex real-time PCR*. European Food Research and Technology = Zeitschrift Fur Lebensmittel-Untersuchung Und -Forschung. A. 248(3), 869–879.
- FAO. (2019). *Cambio climático y seguridad alimentaria y nutricional en América Latina y el Caribe*. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. <https://www.fao.org/documents/card/es?details=CA2902ES/>
- FAO. (2023). *FAO, Food and Agriculture Organization of the United Nations*. AnimalProdHealth. <http://www.fao.org/agriculture/animal-production-and-health/en>
- Freeman, L. C. (1977). *A set of measures of centrality based on betweenness*. Sociometry. 40(1), 35.
- Galli, L. (2012). *Estudio de los factores de adherencia de cepas de Escherichia Coli productoras de toxina Shiga aisladas de bovinos* [Universidad Nacional de La Plata]. <https://doi.org/10.35537/10915/22456>

- Gamez, M. J. (2015, September 17). *Objetivos y metas de desarrollo sostenible*. Desarrollo Sostenible. <https://www.un.org/sustainabledevelopment/es/objetivos-de-desarrollo-sostenible/>
- García Rubio, A. (2018). *Análisis bibliométrico de la producción científica en lactancia materna en España entre los años 1980-2015 : un estudio aproximativo* [Universidad de Murcia]. <http://hdl.handle.net/10201/62880>
- García-Sánchez, L., Melero, B., & Rovira, J. (2018). *Campylobacter in the Food Chain*. *Advances in Food and Nutrition Research*, 86, 215–252.
- González-Valiente, C. L. (2019). *Redes de citación de revistas iberoamericanas de Bibliotecología y Ciencia de la Información en Scopus*. *Bibliotecas Anales de investigación*. 15(1), 83–98.
- Gurzki, H., & Woisetschläger, D. M. (2017). *Mapping the luxury research landscape: A bibliometric citation analysis*. *Journal of Business Research*. 77, 147–166.
- Hansson, I., Sandberg, M., Habib, I., Lowman, R., & Engvall, E. O. (2018). *Knowledge gaps in control of Campylobacter for prevention of campylobacteriosis*. *Transboundary and Emerging Diseases*. 65 Suppl 1, 30–48.
- Hirsch, J. E. (2005). *An index to quantify an individual's scientific research output*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 102(46), 16569–16572.
- Hoorfar, J., Ahrens, P., & Rådström, P. (2000). *Automated 5' nuclease PCR assay for identification of Salmonella enterica*. *Journal of Clinical Microbiology*. 38(9), 3429–3435.
- Hoorfar, J., Cook, N., Malorny, B., Wagner, M., De Medici, D., Abdulmawjood, A., & Fach, P. (2003). *Making internal amplification control mandatory for diagnostic PCR*. *Journal of*

- Clinical Microbiology. 41(12), 5835.
- Hoorfar, J., Malorny, B., Abdulmawjood, A., Cook, N., Wagner, M., & Fach, P. (2004). *Practical considerations in design of internal amplification controls for diagnostic PCR assays*. Journal of Clinical Microbiology. 42(5), 1863–1868.
- INS, Instituto Nacional de Salud de Colombia. (2014). *Protocolo de Vigilancia en Salud Pública Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETA)*. <https://santamargarita.gov.co>.  
[www.saludpereira.gov.co/attachments/article/352/PRO%20Enfermedades%20Trans.%20por%20alimentos.pdf](http://www.saludpereira.gov.co/attachments/article/352/PRO%20Enfermedades%20Trans.%20por%20alimentos.pdf)
- Irkin, R., Bozkurt, B., & Tumen, G. (2021). *Determination of the prevalence of Salmonella spp. and S. aureus in meat products by Real-Time PCR and testing their antibiotic susceptibility*. Medycyna Weterynaryjna. 77(06), 6533–2021.
- Jahuey M. F. J., Herrera O. J. B., & Paredes S. F. A. (2022). *El programa R: una estrategia inicial para su entendimiento y aprendizaje*. Revista Digital Universitaria. 23(4).  
<https://doi.org/10.22201/cuaieed.16076079e.2022.23.4.4>
- Jamshidi, A., & Zeinali, T. (2019). *Significance and Characteristics of in Poultry Products*. International Journal of Food Science. 2019, 7835253.
- Jaroenporn, C., Supawasit, W., Bundidamorn, D., Udornpijitkul, P., Assawamakin, A., & Trevanich, S. (2022). *In-House Validation of Multiplex PCR for Simultaneous Detection of Shiga Toxin-Producing and spp. in Raw Meats*. Foods (Basel, Switzerland), 11(11).  
<https://doi.org/10.3390/foods11111557>
- Khan, A. S. (2017). *Biotechnology-based sensing platforms for detecting foodborne pathogens*. In Analysis of Food Toxins and Toxicants (pp. 37–50). John Wiley & Sons, Ltd.
- Kim, H. (2019). *Propensity Score Analysis in Non-Randomized Experimental Designs: An*

- Overview and a Tutorial Using R Software*. New Directions for Child and Adolescent Development. 2019(167), 65–89.
- Labrador, M., Giménez-Rota, C., & Rota, C. (2021). *Real-Time PCR Method Combined with a Matrix Lysis Procedure for the Quantification of in Meat Products*. Foods (Basel, Switzerland), 10(4). <https://doi.org/10.3390/foods10040735>
- Labrador, M., Rota, M. C., Pérez-Arquillué, C., Herrera, A., & Bayarri, S. (2018). *Comparative evaluation of impedanciometry combined with chromogenic agars or RNA hybridization and real-time PCR methods for the detection of L. monocytogenes in dry-cured ham*. Food Control. 94, 108–115.
- Landinez, D. A., Robledo Giraldo, S., & Montoya Londoño, D. M. (2019). *Executive Function performance in patients with obesity: A systematic review*. Psychologia, 13(2), 121–134.
- Lazou, T. P., Gelasakis, A. I., Chaintoutis, S. C., Iossifidou, E. G., & Dovas, C. I. (2021). *Method-Dependent Implications in Foodborne Pathogen Quantification: The Case of Survival on Meat as Comparatively Assessed by Colony Count and Viability PCR*. Frontiers in Microbiology. 12, 604933.
- Li, B., Liu, H., & Wang, W. (2017). *Multiplex real-time PCR assay for detection of Escherichia coli O157:H7 and screening for non-O157 Shiga toxin-producing E. coli*. BMC Microbiology. 17(1), 215.
- Lopes, A. T. S., Albuquerque, G. R., & Maciel, B. M. (2018). *Multiplex Real-Time Polymerase Chain Reaction for Simultaneous Quantification of spp., and in Different Food Matrices: Advantages and Disadvantages*. BioMed Research International, 2018, 6104015.
- López, A., Burgos, T., Díaz, M., Mejía, R., & Quinteros, E. (2018). *Contaminación microbiológica de la carne de pollo en 43 supermercados de El Salvador*. ALERTA

Revista Científica Del Instituto Nacional de Salud, 1(2), 45–53.

Lorenzo Hernández, M. (2022). *Evaluación de los parámetros tecnológicos del proceso de cementación de camisas de revestimiento sobre el medio ambiente.*

<http://rein.umcc.cu/handle/123456789/1941>

Malorny, B., Paccassoni, E., Fach, P., Bunge, C., Martin, A., & Helmuth, R. (2004). *Diagnostic real-time PCR for detection of Salmonella in food.* Applied and Environmental Microbiology, 70(12), 7046–7052.

Malorny, B., Tassios, P. T., Rådström, P., Cook, N., Wagner, M., & Hoorfar, J. (2003). *Standardization of diagnostic PCR for the detection of foodborne pathogens.* International Journal of Food Microbiology, 83(1), 39–48.

Miguel, S., Moya-Anegón, F., & Herrero-Solana, V. (2007). *El análisis de co-citas como método de investigación en Bibliotecología y Ciencia de la Información.* Investigación bibliotecológica, 21(43), 139–155.

Monteagudo Silgo, M. (2018). *Efecto de la incorporación de conservantes naturales sobre la calidad de la carne picada de vacuno.* <http://hdl.handle.net/10662/6868>

Moraleda, B. J., Martin, M. J. F., Belloso, M. S., Gómez, M. L., Molinos, A. C. M., & Negru, G. C. (2021). *Diagnóstico y tipos de PCR. Revisión bibliográfica.* Revista de Obras Sanitarias de la Nación. Obras Sanitarias de la Nación, 2(8), 125.

Natsos, G., Mouttotou, N. K., Ahmad, S., Kamran, Z., Ioannidis, A., & Koutoulis, K. C. (2019). *The genus Campylobacter: detection and isolation methods, species identification & typing techniques.* Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society, 70(1), 1327.

No, I. N., Tornillo, J. E., & Pascal, G. (2022). *Creación de materiales educativos STEM abiertos y reproducibles con RStudio.* Unión - Revista Iberoamericana de Educación Matemática.

- 18(64). <https://www.revistaunion.org/index.php/UNION/article/view/322>
- Nubiola, J. (2001). *La búsqueda de la verdad en la tradición pragmatista*. Tópicos. (9), 183–196.
- Nubiola, J. (2006). *La ramificación del saber según C. S. Peirce*. E. Sandoval (ed.), *Semiótica, lógica y conocimiento. Homenaje a Charles Sanders Peirce*, México, UACM, 2006, 35-54. [https://www.academia.edu/17397777/La\\_ramificaci%C3%B3n\\_del\\_saber\\_seg%C3%BA\\_n\\_C\\_S\\_Peirce](https://www.academia.edu/17397777/La_ramificaci%C3%B3n_del_saber_seg%C3%BA_n_C_S_Peirce)
- Ordaz, S. B., Abadía-García, L., Femat-Díaz, A., & Mendoza-Sánchez, M. (2022). *Aprendiendo a revalorizar los subproductos y su aplicación en productos cárnicos*. *Epistemus*, 16(33). <https://doi.org/10.36790/epistemus.v16i33.227>
- Ortega, I. E. (2018). *Seguridad alimentaria y nutricional, higiene e inocuidad: fundamentos microbiológicos*. UVserva. 3. <https://doi.org/10.25009/uvs.v0i3.2542>
- Öz, Y. Y., Sönmez, Ö. İ., Karaman, S., Öz, E., Unal, C. B., & Karataş, A. Y. (2020). *Rapid and sensitive detection of Salmonella spp. in raw minced meat samples using droplet digital PCR*. *European Food Research and Technology = Zeitschrift Fur Lebensmittel-Untersuchung Und -Forschung. A*, 246(10), 1895–1907.
- Paba Bossio, C. (2007). *Determinación por pcr de la presencia de e. coli enterohemorrágica y e. coli o157:h7 en muestras de diversos orígenes en Colombia [Uniandes]*. <http://hdl.handle.net/1992/9424>
- Pandya, A., & Singh, V. (2022). *Micro/Nanofluidics and Lab-on-Chip Based Emerging Technologies for Biomedical and Translational Research Applications - Part B*. Academic Press.
- Peña, T., & Patricia, C. (2020). *Desarrollo de un candidato a material de referencia para la*

*detección y cuantificación de Escherichia coli O157 H7 por PCR.*

<https://repositorio.unal.edu.co/handle/unal/77923>

- Perelle, S., Dilasser, F., Malorny, B., Grout, J., Hoorfar, J., & Fach, P. (2004). *Comparison of PCR-ELISA and LightCycler real-time PCR assays for detecting Salmonella spp. in milk and meat samples.* Molecular and Cellular Probes. 18(6), 409–420.
- Petsios, S., Fredriksson-Ahomaa, M., Sakkas, H., & Papadopoulou, C. (2016). *Conventional and molecular methods used in the detection and subtyping of Yersinia enterocolitica in food.* International Journal of Food Microbiology. 237, 55–72.
- Pranckutė, R. (2021). *Web of Science (WoS) and Scopus: The titans of bibliographic information in today's academic world.* Publications, 9(1), 12.
- Queiroz, M. M., & Fosso Wamba, S. (2021). *A structured literature review on the interplay between emerging technologies and COVID-19 - insights and directions to operations fields.* Annals of Operations Research, 1–27.
- Quishpe, P., & Bryan, P. (2020). *Identificación de Salmonella sp. en productos lácteos no pasteurizados comercializados en los mercados de Riobamba* [Universidad Nacional de Chimborazo 2020]. <http://dspace.unach.edu.ec/handle/51000/6653>
- Rabelo-Florez R. A. (2022). *Bacterias y hongos utilizados en la biodegradación de hidrocarburos: Una Revisión de literatura y Análisis Bibliométrico.* Revista EIA, 20(39). <https://doi.org/10.24050/reia.v20i39.1622>
- Rahn, K., De Grandis, S. A., Clarke, R. C., McEwen, S. A., Galán, J. E., Ginocchio, C., Curtiss, R., 3rd, & Gyles, C. L. (1992). *Amplification of an invA gene sequence of Salmonella typhimurium by polymerase chain reaction as a specific method of detection of Salmonella.* Molecular and Cellular Probes. 6(4), 271–279.



- Rípodas Navarro, A., Fernández Moreira, D., & Macho Martínez, M. (2017). *Investigación de Escherichia coli productor de toxinas Shiga (STEC) en carnes y derivados cárnicos*. Sanidad Militar. 73(3), 147–152.
- Ripollés Ávila, C. (2018). *Supervivencia de Listeria monocytogenes sobre superficies de contacto con alimentos: un abordaje multidisciplinar de un problema complejo* [Universitat Autònoma de Barcelona]. <http://hdl.handle.net/10803/664171>
- Robledo, S., Osorio, G., & Lopez, C. (2014). *Centro de Investigación de la Universidad Distrital Francisco José de Caldas*. Revista Vínculos. 11(2), 6–16.
- Rodríguez Sánchez, I. P., & Barrera Saldaña, H. A. (2004). *La reacción en cadena de la polimerasa a dos décadas de su invención*. Ciencia UANL. 7(3).  
[http://eprints.uanl.mx/1584/1/art\\_cadena.pdf](http://eprints.uanl.mx/1584/1/art_cadena.pdf)
- Rossen, L., Nørskov, P., Holmstrøm, K., & Rasmussen, O. F. (1992). *Inhibition of PCR by components of food samples, microbial diagnostic assays and DNA-extraction solutions*. International Journal of Food Microbiology. 17(1), 37–45.
- Sampieri, C. R., & Trejo, R. M. Á. (2015). *Mapas bibliométricos como herramienta en la organización y análisis en ciencia*. Revista de Educación Bioquímica. 34(4), 93–97.
- Secinaro, S., Dal Mas, F., Brescia, V., & Calandra, D. (2022). *Blockchain in the accounting, auditing and accountability fields: a bibliometric and coding analysis*. Accounting Auditing & Accountability. 35(9), 168–203.
- Sharma, C., Sharma, A. K., & Aneja, K. R. (2016). *Frontiers in Food Biotechnology*. Nova Science Publishers, Incorporated.
- Smith, J. L., & Fratamico, P. M. (2018). *Emerging and re-emerging foodborne pathogens*. Foodborne Pathogens and Disease. 15(12), 737–757.

- Soto V. Z., Universidad Simón Bolívar, Pérez Lavalle, L., Estrada Alvarado, D., Universidad Simón Bolívar, & Universidad Simón Bolívar. (2016). *Bacteria causing of foodborne diseases: an overview at Colombia*. *Salud Uninorte*, 32(1), 105–122.
- Soumet, C., Ermel, G., Rose, N., Rose, V., Drouin, P., Salvat, G., & Colin, P. (1999). *Evaluation of a multiplex PCR assay for simultaneous identification of Salmonella sp., Salmonella enteritidis and Salmonella typhimurium from environmental swabs of poultry houses*. *Letters in Applied Microbiology*, 28(2), 113–117.
- Stingl, K., Heise, J., Thieck, M., Wulsten, I. F., Pacholewicz, E., Iwobi, A. N., Govindaswamy, J., Zeller-Péronnet, V., Scheuring, S., Luu, H. Q., Fridriksdottir, V., Gözl, G., Priller, F., Gruntar, I., Jorgensen, F., Koene, M., Kovac, J., Lick, S., Répérant, E., ... Huber, I. (2021). *Challenging the “gold standard” of colony-forming units - Validation of a multiplex real-time PCR for quantification of viable Campylobacter spp. in meat rinses*. *International Journal of Food Microbiology*, 359, 109417.
- Sustacha M. I. M.; Baños P. J. F.; Valle T. E. A. (2022). *Research trends in technology in the context of smart destinations: a bibliometric analysis and network visualization*. *Cuadernos de Gestión*, 22(1), 161–173. <https://doi.org/10.5295/cdg.211501is>
- Syarifah, I. K., Latif, H., Basri, C., & Rahayu, P. (2020). *Identification and differentiation of isolated from chicken meat using real-time polymerase chain reaction and high resolution melting analysis of and genes*. *Veterinary World*, 13(9), 1875–1883.
- Tani, M., Papaluca, O., & Sasso, P. (2018). *The System Thinking Perspective in the Open-Innovation research: A systematic review*. *Journal of Open Innovation Technology Market and Complexity*, 4(3), 38.
- Tomás-Górriz, V., & Tomás-Casterá, V. (2018). *La Bibliometría en la evaluación de la*

- actividad científica. Hospital a Domicilio*, 2(4), 145.
- Uribe, J. C. V., Rocha, A. C. S., Rodríguez, O. V., & Tuberquia, Á. O. (2022). *Blended Learning: una revisión cuantitativa*. *Interfaces*, 5(1).  
<https://revistas.unilibre.edu.co/index.php/interfaces/article/view/9458>
- Valencia-Hernandez, D. S., Robledo, S., Pinilla, R., Duque-Méndez, N. D., & Olivar-Tost, G. (2020). *SAP algorithm for citation analysis: An improvement to tree of Science*. *Ingeniería e Investigación*, 40(1). <https://doi.org/10.15446/ing.investig.v40n1.77718>
- Valledupar, A. d. (2020). “Valledupar en orden 2020 - 2023” Plan de Desarrollo Municipio de Valledupar. Recuperado de: <https://www.obsgestioneducativa.com/wp-content/uploads/2021/02/Valledupar.pdf>
- Vélez, M. V., Colello, R., Etcheverría, A. I., & Padola, N. L. (2023). *Shiga toxin producing Escherichia coli: the challenge of adherence to survive*. *Revista Argentina de microbiología*, 55(1), 100–107.
- Vera-Baceta, M.-A., Thelwall, M., & Kousha, K. (2019). *Web of Science and Scopus language coverage*. *Scientometrics*, 121(3), 1803–1813.
- Vidaković Knežević, S., Knežević, S., Vranešević, J., Kravić, S. Ž., Lakićević, B., Kocić-Tanackov, S., & Karabasil, N. (2023). *Effects of Selected Essential Oils on in Biofilms and in a Model Food System*. *Foods (Basel, Switzerland)*, 12(10).  
<https://doi.org/10.3390/foods12101930>
- Wallis, W. D. (2007). *A beginner's guide to graph theory* (2nd ed.). Birkhauser Boston.
- Whyte, P., Mc Gill, K., Collins, J. D., & Gormley, E. (2002). *The prevalence and PCR detection of Salmonella contamination in raw poultry*. *Veterinary Microbiology*, 89(1), 53–60.
- Wilson, I. G. (1997). *Inhibition and facilitation of nucleic acid amplification*. *Applied and*

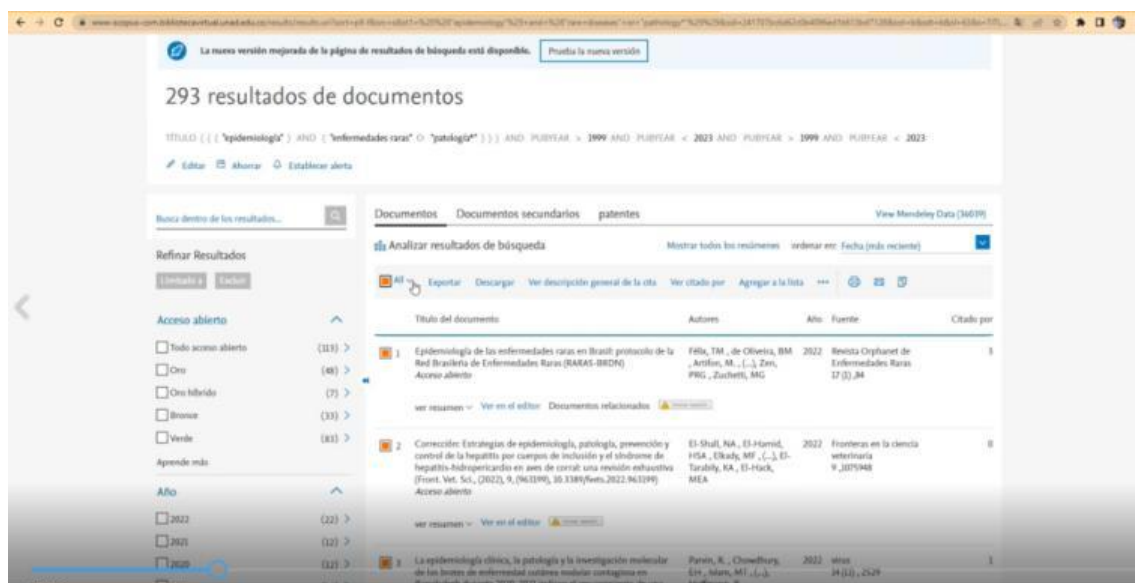
- Environmental Microbiology. 63(10), 3741–3751.
- Yang, S., Zheng, L., & Keller, F. B. (2016). *Social Network Analysis: Methods and Examples*. Sage Publications, Incorporated.
- Yu, D., Banting, G., & Neumann, N. F. (2021). *A review of the taxonomy, genetics, and biology of the genus and the type species*. Canadian Journal of Microbiology, 67(8), 553–571.
- Zariñana, R., & De la, A. E. (2017). *Estandarización y validación de la técnica de PCR para la determinación de Listeria monocytogenes en carne de pollo, res y cerdo*.  
<http://hdl.handle.net/10521/3846>
- Zhanabayeva, D. K., Paritova, A. Y., Murzakaeva, G. K., Zhanabayev, A. A., Kereev, A., Asauova, Z. S., & Aubakirov, M. Z. (2021). *PCR Diagnosis for the Identification of the Virulent Gene of Salmonella in Poultry Meat*.  
<http://repository.kazatu.kz/jspui/handle/123456789/1535>
- Zhang, J., & Luo, Y. (2017). *Degree centrality, betweenness centrality, and closeness centrality in social network*. Proceedings of the 2017 2nd International Conference on Modelling, Simulation and Applied Mathematics (MSAM2017). 2017 2nd International Conference on Modelling, Simulation and Applied Mathematics (MSAM2017), Bankok, Thailand.  
<https://doi.org/10.2991/msam-17.2017.68>
- Zhu, J., & Liu, W. (2020). *A tale of two databases: the use of Web of Science and Scopus in academic papers*. Scientometrics, 123(1), 321–335.
- Zuluaga, M., Robledo, S., Osorio-Zuluaga, G. A., Yathe, L., Gonzalez, D., & Taborda, G. (2016). *Metabolomics and pesticides: systematic literature review using graph theory for analysis of references*. Nova, 14(25), 121–138.
- Zuschke, N. (2020). *An analysis of process-tracing research on consumer decision-making*.

Journal of Business Research, 111, 305–320.

## Apéndice A.

### Uso de R Studio

Una vez obtenido los resultados de búsqueda de las bases de datos utilizadas se seleccionan en su totalidad y se selecciona la opción exportar



En el caso de Scopus, al seleccionar exportar aparecerá un cuadro de opciones, las cuales deberán ser seleccionadas en su totalidad, luego escoger el método de exportación Bibtext y dar clic en exportar lo que permitirá descargar la “semilla” o conjunto de referencias encontradas. Después se guardan en el equipo.

The top screenshot shows the 'Configuración del documento de exportación' (Export Document Configuration) dialog box. It is titled 'Configuración del documento de exportación' and has a close button (X). Below the title, it says 'You have chosen to export 293 documents'. Under 'Seleccione su método de exportación' (Select your export method), there are several radio buttons: 'Mendeley', 'EndNote', 'Formato RIS', 'CSV', 'BibTeX', and 'Texto sin formato ASCII en HTML'. The 'BibTeX' option is selected. Below this, there is a section '¿Qué información desea exportar?' (What information do you want to export?) with several columns of checkboxes. The 'BibTeX' column has several options checked, including 'Autor(es)', 'Identificación del autor(es)', 'Título del documento', 'Año', 'Identificación electrónica', 'Título de la familia', 'volumen, número, páginas', 'Resumen de citas', 'Fuente y tipo de documento', 'Etapas de publicación', 'DOI', and 'Acceso abierto'. The 'Información bibliográfica' column has 'afiliaciones', 'Identificadores de serie (por ejemplo, ISSN)', 'Identificador de PubMed', 'Edición', 'edición', 'Número del documento original', 'Dirección de Correspondencia', and 'Título de la fuente abreviada'. The 'Resumen y palabras clave' column has 'Abstracto', 'Palabras clave del autor', and 'Índice de palabras clave'. The 'Detalles de financiación' column has 'Número', 'Acónimo', 'Pibotizador', and 'Texto de financiación'. The 'Otra información' column has 'Nombres comerciales y fabricantes', 'Número de acceso y productos químicos', 'Información de la conferencia', and 'Incluir referencias'. At the bottom right, there are 'Cancelar' and 'Exportar' buttons.

The bottom screenshot shows the search results page with '293 resultados de documentos' (293 document results). A file explorer window is open, showing a list of files. The file 'Setfile.docx.kk' is selected. The file explorer shows a list of files with columns for 'Nombre' (Name) and 'Fecha de modificación' (Last modified). The files include 'Setfile.docx.kk', 'la semana (patada) (25)', 'investigacionesreportGeneral (6)', 'investigacionesreportGeneral (5)', 'WhatsApp Image 2023-03-28 at 8:42:42 AM', 'WhatsApp Image 2023-03-19 at 7:05:34 PM', 'WhatsApp Image 2023-03-19 at 7:08:23 PM', 'WhatsApp Image 2023-03-19 at 7:04:26 PM', 'WhatsApp Image 2023-03-19 at 7:05:19 PM', 'WhatsApp Image 2023-03-19 at 7:05:07 PM', 'WhatsApp Image 2023-03-19 at 7:05:47 PM', 'WhatsApp Image 2023-03-19 at 7:05:30 PM', 'WhatsApp Image 2023-03-19 at 7:05:29 PM', 'WhatsApp Image 2023-03-19 at 7:05:17 PM', 'WhatsApp Image 2023-03-19 at 7:04:28 PM', 'WhatsApp Image 2023-03-19 at 11:55:53 AM', 'Equation - General\_20230319\_095403 Substitución de la moneda', 'Informe de Learning', and 'LISTA ESTUDIANTES 1801 2023 MICROBIOLOGIA (1)'. The file explorer also shows a 'Ver' (View) button and a 'Mostrar todo' (Show all) button.

En el caso de Web of Science, en la opción exportar se desplegará una ventana de opciones, donde se selecciona “Plaint text file”

The screenshot shows the Web of Science interface with the following elements:

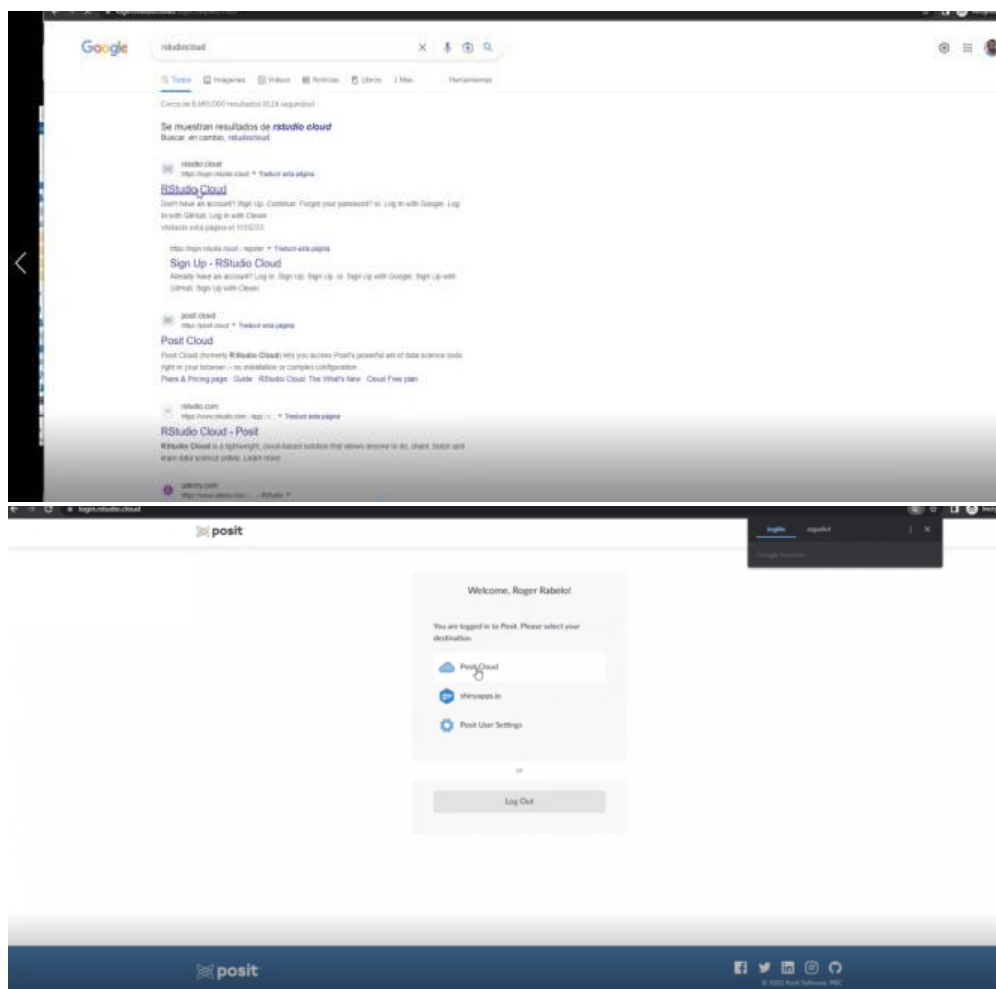
- Search Bar:** Contains the search query: "([\*nanotechnology]) AND ((nanoscience) OR nanotechnology)".
- Results:** 213 results from Web of Science Core Collection for: [nanotechnology] AND ((nanoscience) OR nanotechnology).
- Filters:**
  - Publication Types: 4 Peer-Reviewed Papers, 56 Review Article, 101 Other Article, 9 Booked Cited References.
  - Custom Types: 13 Other, 12 Knowledge Discovery.
- Export Menu:** A dropdown menu is open over the 'Export' button, showing options:
  - Export as PDF
  - Export as CSV
  - Export as RIS
  - Export as HTML
  - Export as XML
  - Export as JSON
  - Export as BibTeX
  - Export as EndNote
  - Export as RefWorks
  - Export as Mendeley
  - Export as Zotero
  - Export as Plain Text
  - Export as Plain Text (UTF-8)
  - Export as Plain Text (ASCII)
  - Export as Plain Text (ANSI)
  - Export as Plain Text (Unicode)
  - Export as Plain Text (Unicode (UTF-16))
  - Export as Plain Text (Unicode (UTF-32))
  - Export as Plain Text (Unicode (UTF-8))
  - Export as Plain Text (Unicode (UTF-16))
  - Export as Plain Text (Unicode (UTF-32))
  - Export as Plain Text (Unicode (UTF-8))
  - Export as Plain Text (Unicode (UTF-16))
  - Export as Plain Text (Unicode (UTF-32))

Luego se selecciona la totalidad de documentos encontrados y después “full text and cite reference”, finaliza con exportar y al igual que en Scopus se descarga y se guarda en el equipo

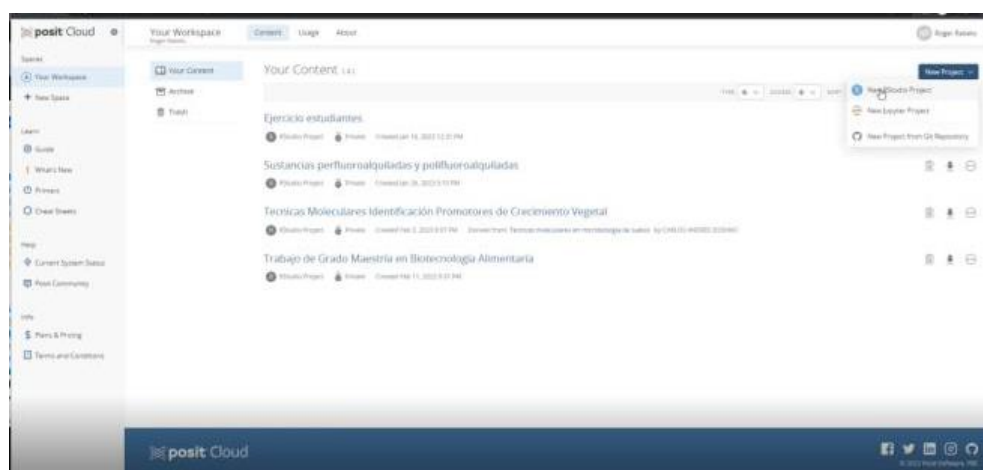
The image displays two screenshots of the Clarivate Web of Science interface. The top screenshot shows a search for "epidemiology" and "rare diseases" with 213 results. An "Export Records to Plain Text File" dialog box is open, showing options for "Record Options" (All records on page, Records from 1 to 213) and "Record Content" (Author Title, Source, Abstract, Full Record, Full Record and Cited References). The bottom screenshot shows the same search results page with a file explorer window open, displaying a list of files including "Full Record and Cited References" and "Full Record and Cited References".

En el buscador se coloca R-Studio Cloud y se selecciona PosidCloud

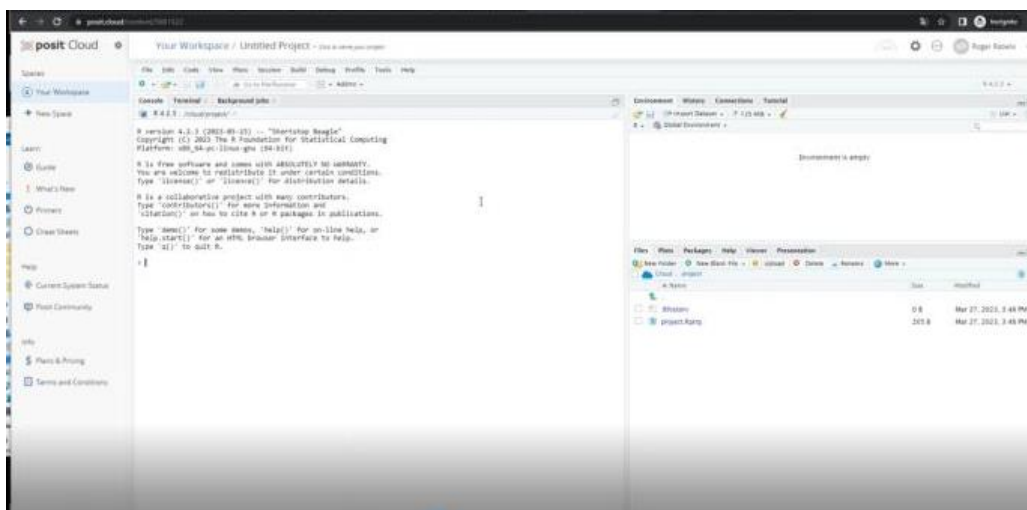




Al ingresar deberá dar clic en la parte superior derecha NEW PROJECT

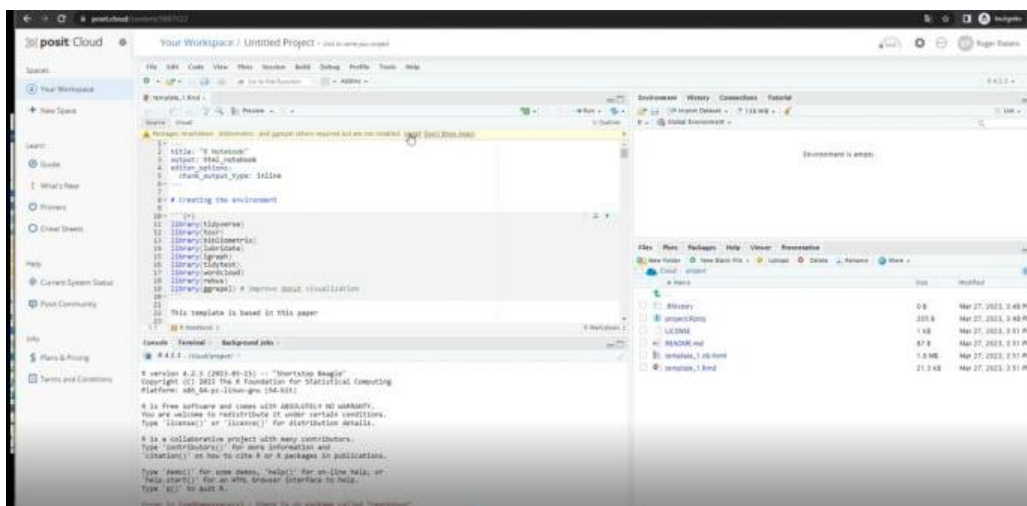


Se desplegará una pantalla como se muestra a continuación

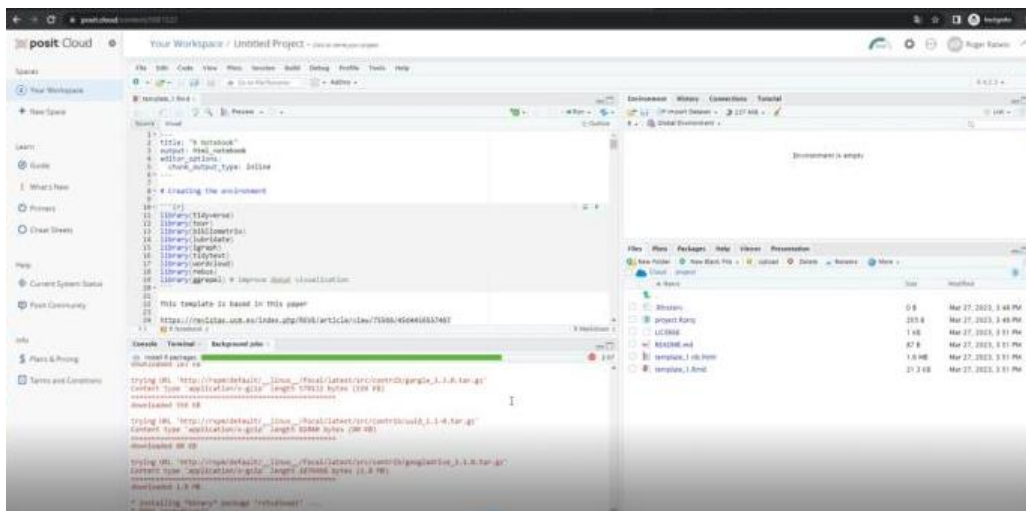


En el recuadro inferior derecho se selecciona la opción subir “upload” para cargar los códigos del con los cuales trabaja R-Studio los cuales son: LICENSE, README, Template 1\_mb, Template 1\_rmd.

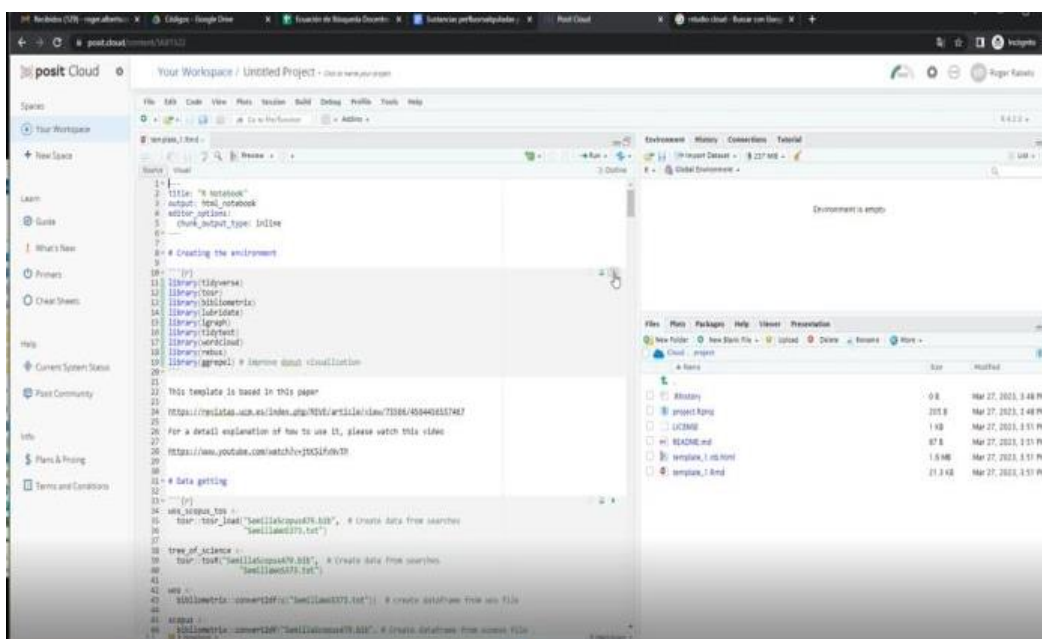
Se selecciona uno a uno los códigos para que el programa lo instale, en la ventana que se despliega al seleccionar el código se debe dar clic en instalar y esperar a que el proceso termine.



El proceso termina una vez se completa la barra verde.

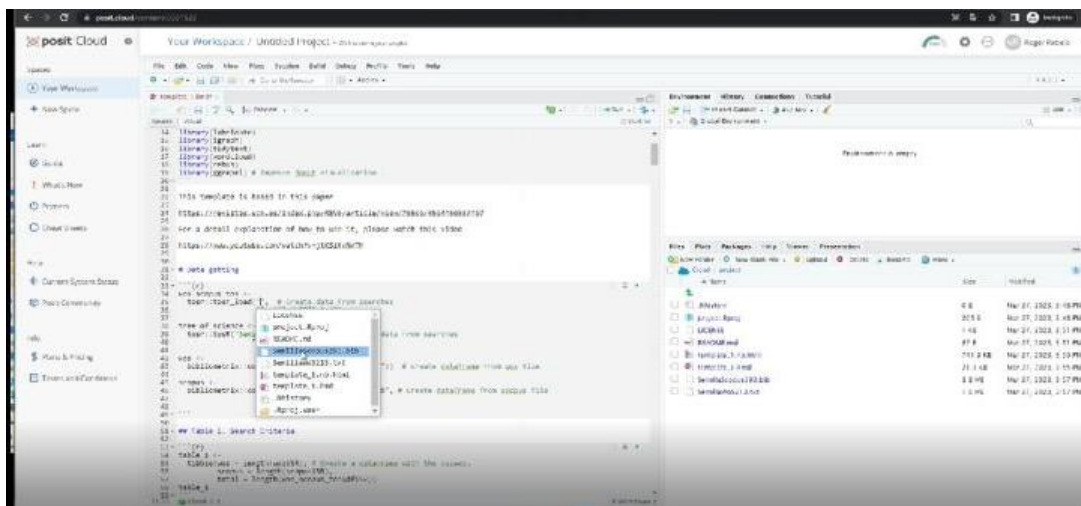


El siguiente paso es dar clic en el recuadro superior donde están las librerías, para esto se da clic en el botón verde de “play”

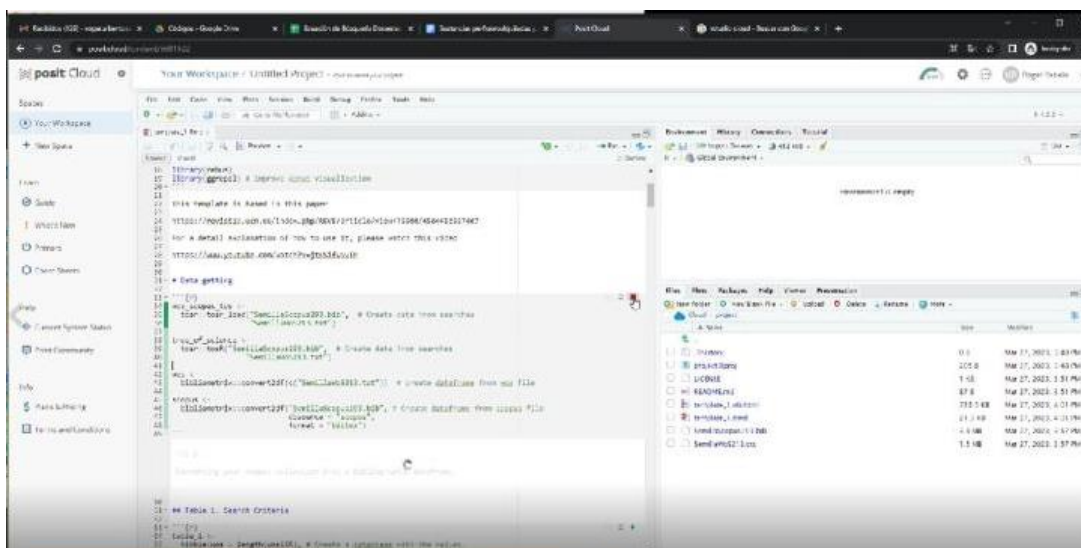




En el recuadro que aparece en la parte inferior de “data getting” aparecerá un paréntesis y unas comillas, dentro de las cuales se deberá dar clic y escoger la semilla de las bases de dato, una a la vez.

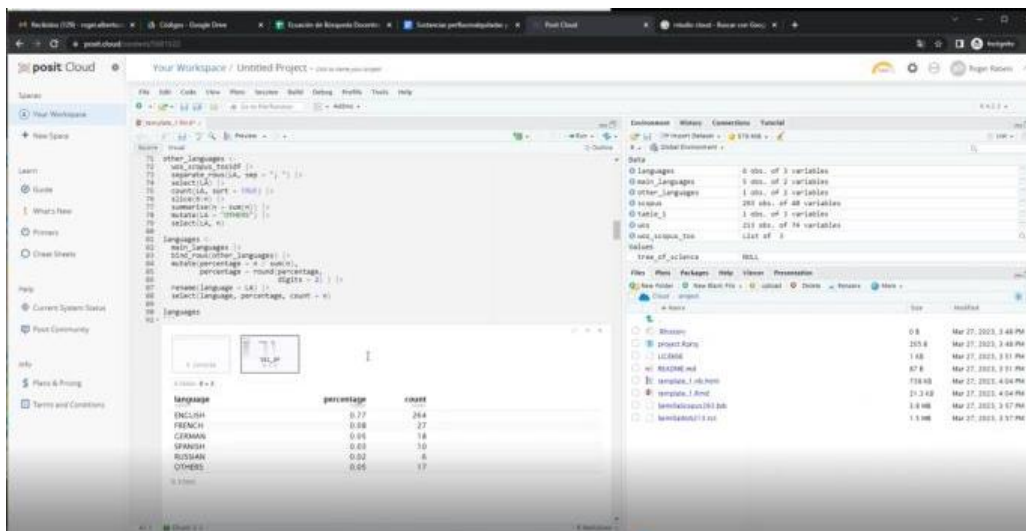


Al terminar se da clic en play

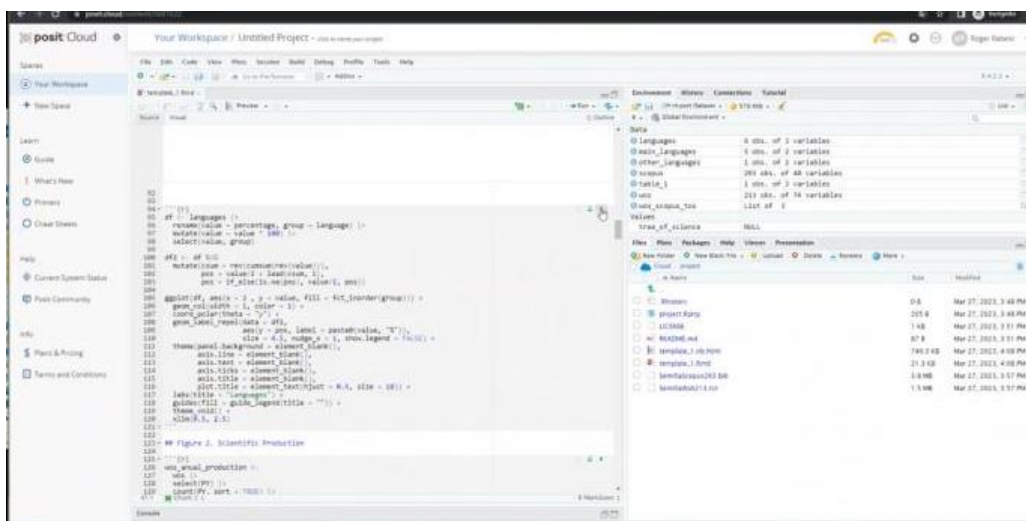


Luego el software hará la eliminación de artículos que se encuentren repetidos en ambas bases de datos, para saber que cantidad de referencias quedaron después de ese proceso se da clic



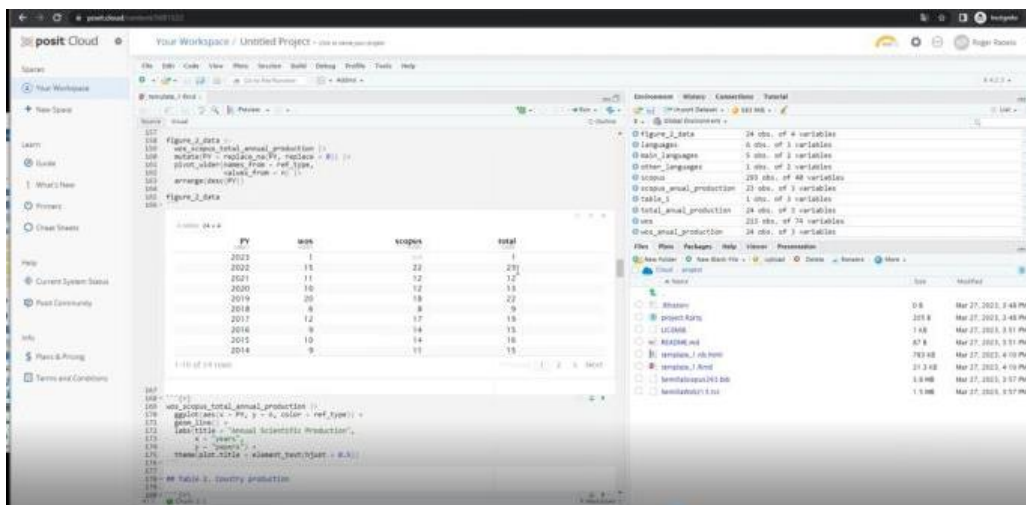


Se dará clic en el botón play del siguiente cuadro y este mostrará los resultados anteriores en una gráfica de torta.

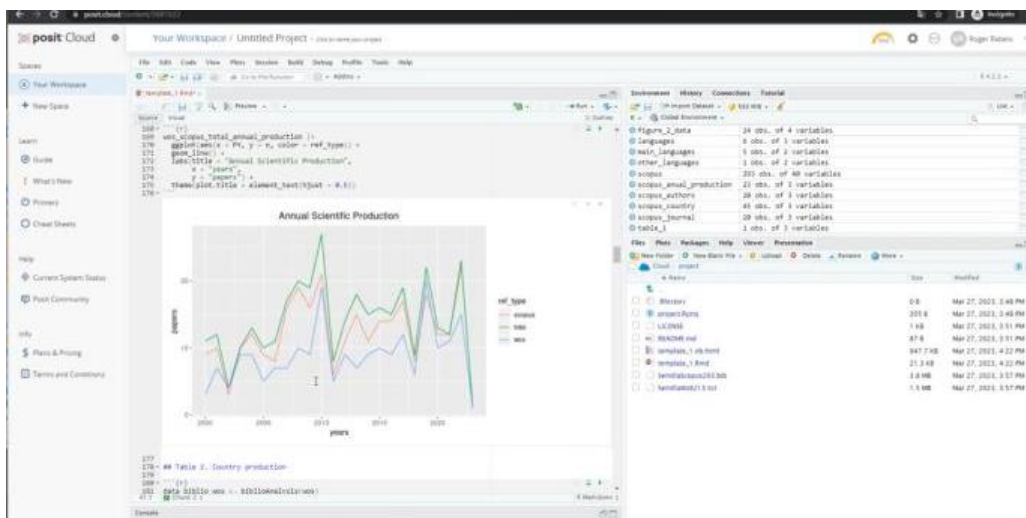






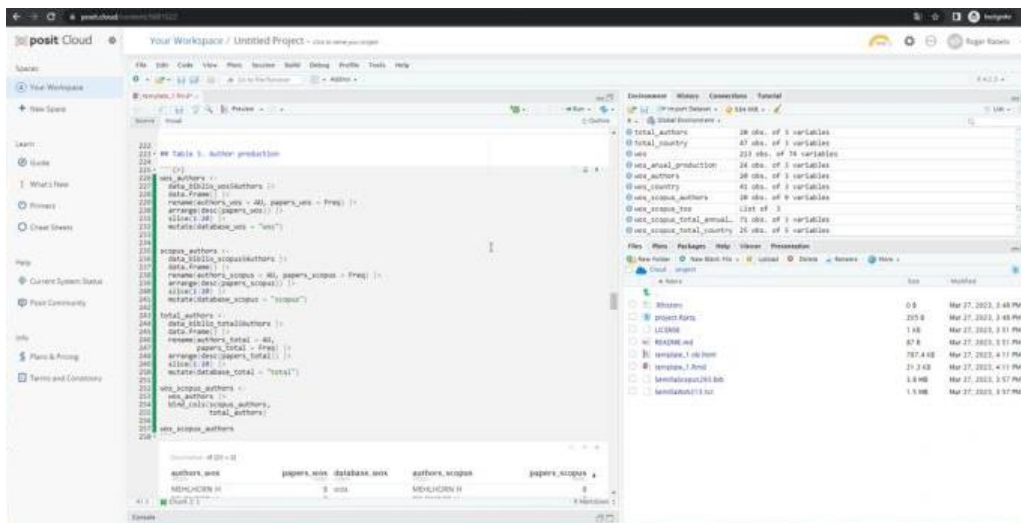


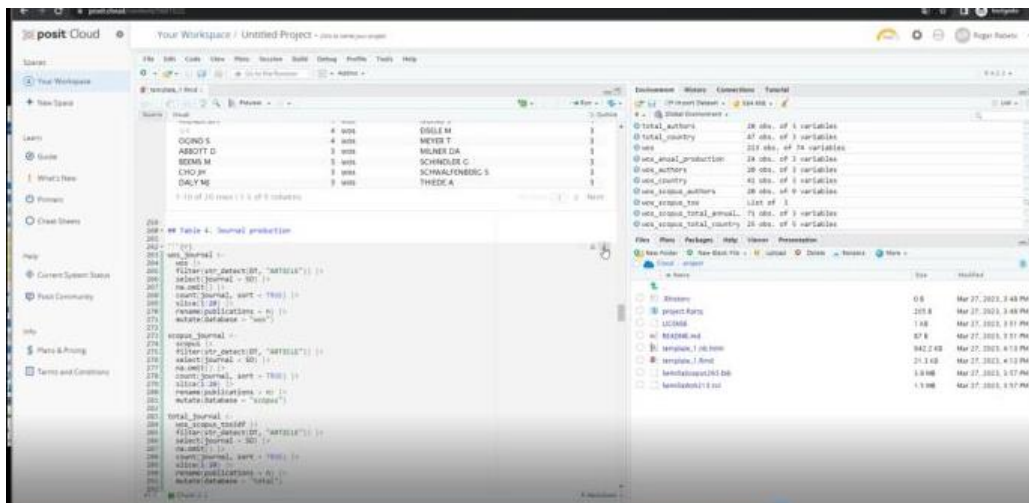
Se da clic en el siguiente botón play para obtener el gráfico de la producción científica por años, que permite observar y analizar dichos datos de una manera más fácil.



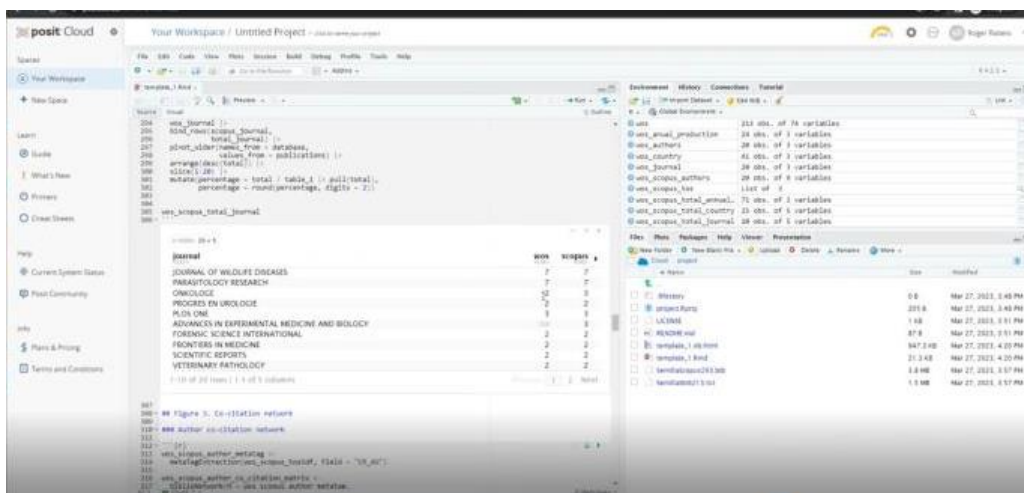
Luego dar clic en el botón play del título “Tabla 2.country producción”





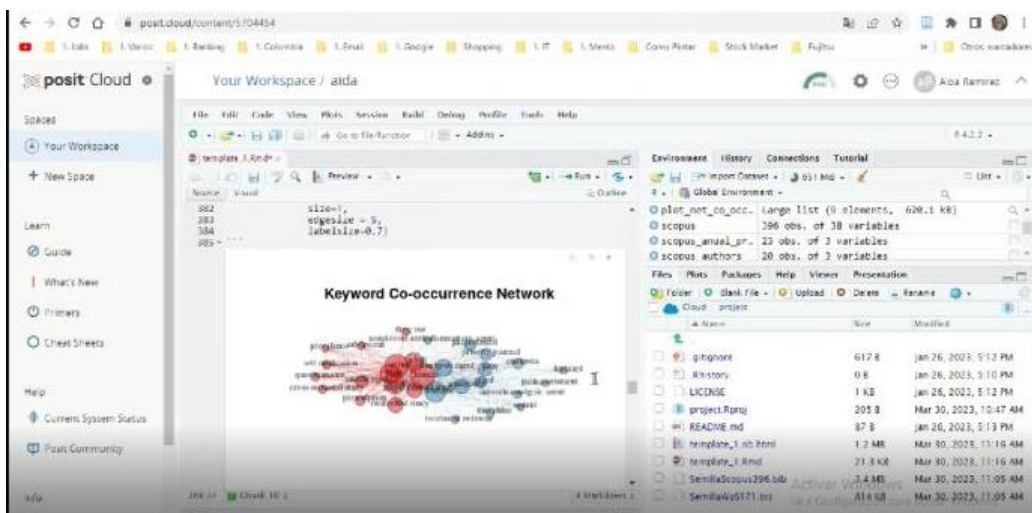


Se mostrarán los resultados de revistas con mayor número de publicaciones científicas sobre el tema.

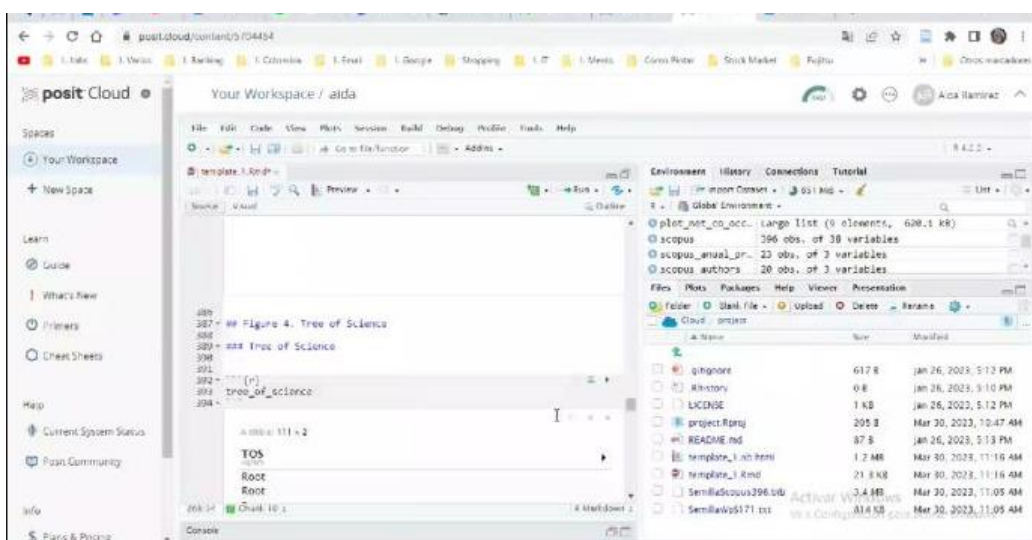


Luego dar clic en el botón play del título “Figura 3. Co-citation network”

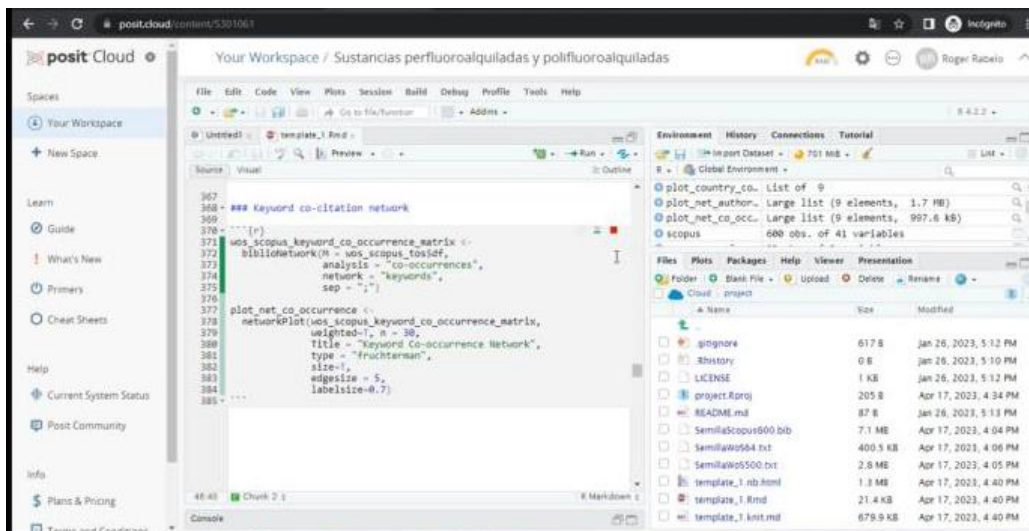




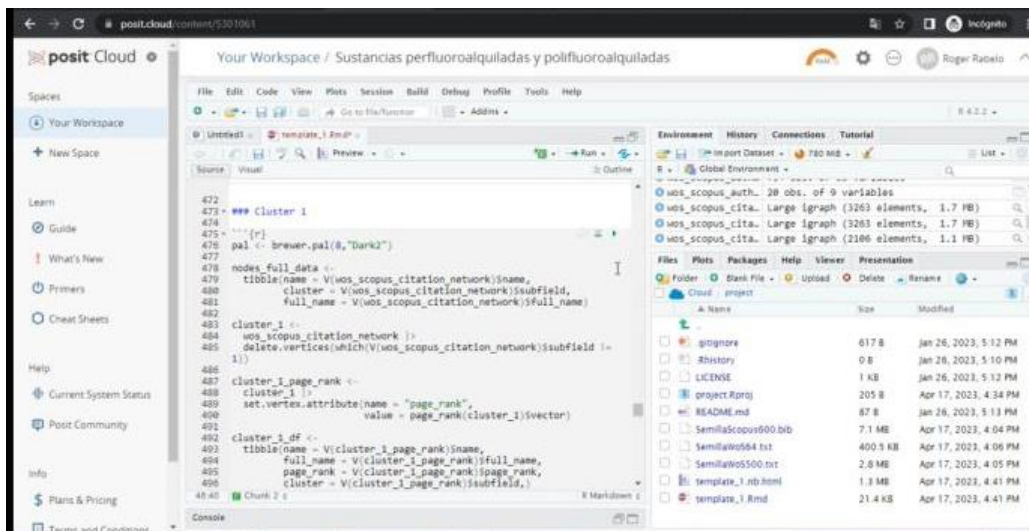
Luego dar clic en el botón play del título “Figura 4. Tree of science” y se mostraran los resultados del árbol de la ciencia.



Luego dar clic en el botón play del título “keyword co-citation network” y se mostraran los resultados de la red de cocitacion de palabras claves.



Para ejecutar los “cluster” deberá dar clic en el botón play, aparecen 4 en los cuales deberá dar clic en play.



El sistema arrojará los resultados de las principales perspectivas acerca del tema de estudio.

