

Frecuencia de serovariedades de *Salmonella* tifoidea y no tifoidea en la iguana verde bajo manejo en cautiverio en Chiapas, México

Frequency of typhoidal and non-typhoidal *Salmonella* serovars in the green Iguana under captive management in Chiapas, Mexico

Eglantina Corzo-Cobos¹ , Herbey Ruiz-Sesma² , Mario Hidalgo-Ruiz³ , Jenner Rodas-Trejo⁴ , Vianey Méndez-Trujillo⁵ ,
Carlos Alfredo Carmona-Gasca⁶ , Gaspar Fernando Peniche-Lara⁷ , José del Carmen Rejón-Orantes² , Gerardo Uriel Bautista-Trujillo^{2*} 

¹Benemérita Universidad Autónoma de Chiapas, Maestría en Ciencias en Producción Agropecuaria Tropical. México.

²Benemérita Universidad Autónoma de Chiapas, Instituto de Investigación de Plantas Medicinales Chiapanecas. México.

³Benemérita Universidad Autónoma de Chiapas, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia CII. México.

⁴Benemérita Universidad Autónoma de Chiapas, Escuela de Estudios Agropecuarios Mezcalapa. México.

⁵Universidad Autónoma de Baja California, Facultad de Medicina. California, México.

⁶Universidad Autónoma de Nayarit, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. México.

⁷Universidad Autónoma de Yucatán, Facultad de Medicina. México.

*Autor para correspondencia: gerardo.trujillo@unach.mx

RESUMEN

La salmonelosis es una zoonosis de relevancia en la salud pública mundial, ocasionada por bacterias del género *Salmonella*. La iguana verde, frecuentemente mantenida en cautiverio, puede actuar como portadora de *Salmonella* tifoidea y no tifoidea, lo que representa un riesgo zoonótico. Sin embargo, hasta ahora no se había documentado su presencia en Unidades de Manejo para la Conservación de la Vida Silvestre. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de subespecies y serovariedades de *Salmonella*, así como su perfil de susceptibilidad antimicrobiana, en iguana verde en cautiverio en Chiapas, México. Se realizó un estudio transversal entre otoño del 2017 y primavera de 2023, recolectando muestras de heces cloacales de 536 ejemplares. La identificación de subgrupos y serovariedades se llevó a cabo mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa, y la susceptibilidad antimicrobiana se evaluó mediante el método de difusión en disco. Los análisis estadísticos se efectuaron con las pruebas exacta de Fisher y Chi-cuadrado en IBM SPSS. La frecuencia global de *Salmonella* fue de 17,9%. El 79,1% fueron subespecies no entéricas (*salamae*, *houtenae*, *diarizonae*, *arizonae* e *indica*), mientras que el 20,8% de los aislamientos correspondieron a *S. enterica* subsp. *enterica*. De estas el 42,1% correspondieron a la serovariedad Typhi, 21% Typhimurium, 15,7% Enteritidis y 5,2% Paratyphi. Además, el 57,9% de las cepas de subsp. *enterica* resultaron resistentes a ampicilina, y el 32,3% mostraron multirresistencia, asociada al gen *bla*TEM. Este estudio reveló la circulación de *Salmonella* tifoidea y no tifoidea en iguana verde de Unidades de Manejo para la Conservación de la Vida Silvestre, lo que subraya un riesgo para la salud pública y la necesidad de reforzar medidas de bioseguridad.

Palabras clave: *Salmonella enterica*; *Iguana iguana*; zoonosis; resistencia antimicrobiana; unidades de manejo para la conservación de la vida silvestre; salud pública

ABSTRACT

Salmonellosis is a zoonosis of global public health relevance caused by bacteria of the genus *Salmonella*. The green iguana, frequently kept in captivity, may act as a carrier of typhoidal and non-typhoidal *Salmonella*, representing a zoonotic risk. However, its presence in Wildlife Management Units had not been previously documented. The aim of this study was to determine the frequency of *Salmonella* subspecies and serovars, as well as their antimicrobial susceptibility profile, in captive green iguana in Chiapas, Mexico. A cross-sectional study was conducted between autumn 2017 and spring 2023, collecting cloacal fecal samples from 536 individuals. Identification of subspecies and serovars was performed by Polymerase Chain Reaction, and antimicrobial susceptibility was assessed using the disk diffusion method. Statistical analysis was carried out using Fisher's exact test and Chi-square test in IBM SPSS. The overall frequency of *Salmonella* was 17.9%. Of the isolates, 79.1% corresponded to non-enteric subspecies (*salamae*, *houtenae*, *diarizonae*, *arizonae*, and *indica*), whereas 20.8% were identified as *S. enterica* subsp. *enterica*. Among the latter, 42.1% were serovar Typhi, 21% Typhimurium, 15.7% Enteritidis, and 5.2% Paratyphi. Furthermore, 57.9% of the subsp. *enterica* strains were resistant to ampicillin, and 32.3% exhibited multidrug resistance, associated with the *bla*TEM gene. This study revealed the circulation of typhoidal and non-typhoidal *Salmonella* in green iguana from Wildlife Management Units, highlighting a public health risk and the need to strengthen biosecurity measures.

Key words: *Salmonella enterica*; *Iguana iguana*; zoonosis; antimicrobial resistance; wildlife management units (WMU); public health

INTRODUCCIÓN

El género bacteriano *Salmonella* se divide en dos especies, *S. bongori* y *S. enterica*, esta última con más de 2700 serotipos agrupados en seis subespecies [1]. La más relevante clínicamente es *S. enterica* subsp. *enterica*, que incluye serovariedades tifoideas (*S. Typhi* y *S. Paratyphi*) y no tifoideas (*S. Enteritidis*, *S. Typhimurium*) [2].

Las denominadas como salmonelas tifoideas causan fiebre tifoidea y paratifoidea en humanos, mientras que, las no tifoideas producen gastroenteritis asociada a alimentos o contacto animal. La salmonelosis es más grave en niños e inmunodeprimidos y constituye un importante problema de salud pública mundial, con cientos de miles de muertes anuales [3]. En México, en 2024 se registraron 35.714 casos, destacando Chiapas y Veracruz como los estados con mayor incidencia.

Las infecciones por *Salmonella* en animales domésticos suelen ser asintomáticas, aunque implican un riesgo para la salud pública por la excreción de la bacteria en las heces. A nivel mundial, *S. Typhimurium* y *S. Enteritidis* son las serovariedades más frecuentes en rumiantes, cerdos, aves y alimentos de origen animal [4].

En reptiles, diversos estudios han confirmado su papel como reservorios de *Salmonella*, con aislamientos en iguanas verdes, azules (*Cyclura lewisi*) y negras (*Ctenosaura pectinata*), así como en caimanes (*Caiman crocodilus*), serpientes (*Serpentes*), lagartos (*Lacertilia*), tortugas (*Testudines*), cocodrilos (*Crocodylus porosus*) y geckos domesticados (*Hemidactylus frenatus*) [5].

En México, la iguana verde (*Iguana iguana*) es una especie protegida y aprovechada de manera legal mediante unidades de manejo para la conservación de la vida silvestre (UMA), donde se comercializan carne, piel y ejemplares como mascotas. Los reptiles como mascota han despertado preocupación por su papel como portadores de *Salmonella* spp. resistente a antimicrobianos [6].

Aunque ciertos subgrupos de *Salmonella* forman parte de la microbiota normal de los reptiles y no representan un riesgo para la salud pública [7], se ha prestado poca atención a las condiciones sanitarias en los criaderos y a la identificación de serovariedades zoonóticas. Esto resulta preocupante, ya que no se habían realizado estudios sobre la prevalencia de subgrupos y serovariedades de *Salmonella* en iguanas verdes mantenidas en cautiverio dentro de las UMA en Mesoamérica. El objetivo del estudio fue determinar la frecuencia de subgrupos de *Salmonella* presentes en el intestino de la iguana verde mantenida en cautiverio en una UMA, con énfasis en las serovariedades *S. Typhi*, *S. Paratyphi*, *S. Typhimurium* y *S. Enteritidis*, así como evaluar su susceptibilidad a antibióticos de primera línea.

MATERIALES Y METODOS

Población de Iguana verde

Este estudio fue aprobado por el Comité de Cuidado Animal de la Universidad Autónoma de Chiapas (número de identificación de aprobación 06/VET/RPR/269/16). Se seleccionaron al azar un total de 536 ejemplares cautivos de iguana verde en UMA distribuidos en 2 regiones: 266 ejemplares de la región Istmo-Costa y 270 iguanas de la región metropolitana de Chiapas, México.

El alimento diario de los reptiles generalmente se basa en lechuga, zanahoria, repollo y frutas picadas, el agua estuvo disponible *ad libitum* en bebederos. Los reptiles fueron consultados de sus respectivas jaulas de manera segura y se registraron 260 iguanas juveniles (6–18 meses de edad) y 276 adultos (más de 36 meses de edad). Como las iguanas juveniles presentan características físicas que no permiten distinguir machos de hembras, el sexo se determinó solo dentro de la población adulta. Las iguanas machos presentaron hinchazón del hemipene (las hembras carecen de esta característica) y poros femorales más grandes que las hembras [8].

El estudio utilizó 141 hembras y 135 machos. En el caso de las hembras, 72 iguanas eran maduras sexualmente que compartían la jaula con machos para el apareamiento y gestación, así mismo, 69 iguanas estaban en nidos para su proceso de ovoposición, el muestreo se realizó evitando estrés o alteración de las condiciones ambientales del nido.

Aislamiento e identificación de *Salmonella*

Las muestras fueron recolectadas directamente de la cloaca de las iguanas usando hisopos estériles (Copan, Italia) y posteriormente depositados en tubos con 1 mL de caldo peptonado (MCD LAB, México). Los hisopos se inocularon en agar *Salmonella Shigella* (Agar SS; MCD LAB, México) y en Xilosa Lisina Desoxicolato (Agar XLD; MCD LAB, México), posteriormente se incubaron a 37°C por 24 horas (h). En agar SS se seleccionó una colonia incolora, transparente con centro negro y en agar XLD se tomó una colonia de color rojo con el centro negro. Las colonias seleccionadas fueron procesadas en una serie de pruebas bioquímicas para confirmar su identidad, para ello se utilizó el agar hierro-triple azúcar, urea y lisina-hierro. Las colonias fueron conservadas en glicerol al 15% a –80°C en un ultracongelador (Freezer DW-HL218, China).

Identificación molecular de subespecies y serovariedades de *Salmonella* por la técnica de Reacción en cadena de la polimerasa

En la técnica de Reacción en cadena de la polimerasa (PCR) se utilizó la cepa *Salmonella enterica* subespecie *enterica* serovariedad Typhi ATCC 6539 CGEN 008 como control positivo y *Escherichia coli* ATCC 25922 CGEN 014 como control negativo. Las cepas fueron donadas por la Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas, México [9]. Para obtener el ADN de las cepas controles y aislamientos, se suspendieron las colonias puras en 1 mL de agua desionizada y se calentó a punto de ebullición por 10 min. La suspensión se centrifugó a 6.819 G por 5 min (centrifuga Velab TGL–160, EE.UU), el sobrenadante con DNA fue removido y almacenado a –80°C en un ultracongelador (Freezer DW-HL218, China).

Se analizó la pureza del DNA en un espectrofotómetro de micro volumen NanoDrop (Thermo Scientific® NanoDrop One, EE. UU). Los genes específicos para determinar la subespecie de *Salmonella* incluyendo *S. bongori* fueron amplificados por PCR (Termociclador BioRad Thermal Cycler C100, EE. UU) según el protocolo descrito por Lee y col., [10]. La identificación de la subespecie de *Salmonella* se realizó con los siguientes primers: *mcdA*, *gatD*, *fljB*, *STM*, *Snt* e *INVA*. De acuerdo con el número de pares de bases, se agruparon tres primers por reacción (*fljB*, *Snt*, *INVA*) y (*mcdA*, *gatD*, *STM*). A un volumen de 25 µL se adicionaron: 1,75 µL por primer (x3), 12,5 µL master Mix Green Go Taq Promega (EE. UU), 5,25 µL de

H₂O y 2 µL de ADN [10]. La determinación de *Salmonella enterica* subgrupo *enterica* serovariedades Typhi, Enteritidis y Paratyphi se llevó a cabo bajo las condiciones propuestas por Kumar y col., [11]. La amplificación de marcadores moleculares para identificar la serovariedad Typhimurium se realizó de acuerdo con el protocolo propuesto por O'Regan y col., [12]. La amplificación de los genes de β-lactamasa de espectro extendido *bla*TEM, *bla*SHV, *bla*CTXM, *bla*OXA y *bla*CMY se llevó a cabo utilizando los cebadores, así como las condiciones descritas por Ahmed y col., [13] y Gray y col., [14]. Los cebadores para la amplificación de los genes de integrones de clase 1 y 2 se utilizaron según lo descrito por Mazel y col., [15] y White PA y col., [16], respectivamente.

Los productos de PCR se analizaron mediante electroforesis en gel de agarosa (2 %) a 80 V durante 1 h (BioRad Sub-Cell 192, EE.UU). Los geles de agarosa se tiñeron con Sybr Green® (Invitrogen, EE.UU) y se visualizaron con el sistema Molecular Imager® Gel DocTM XR (BioRad, EE.UU).

Análisis de susceptibilidad antimicrobiana

Se utilizó el método de difusión en disco siguiendo las recomendaciones del Clinical and Laboratory Standards Institute [17]. Para evaluar la susceptibilidad antimicrobiana se emplearon discos de prueba (BD BBLTM Sensi-DiscTM, EE. UU.) de los siguientes antibióticos, agrupados por categoría: β-lactámicos (ampicilina [AMP; 10 µg], carbenicilina [CAR; 100 µg], cefalotina [CEF; 30 µg], cefotaxima [CTX; 30 µg] y amoxicilina-ácido clavulánico [AMC; 20/10 µg]); aminoglucósidos (amikacina [AMK; 30 µg], netilmicina [NET; 30 µg] y gentamicina [GEN; 10 µg]); fluoroquinolonas (ciprofloxacina [CIP; 5 µg] y norfloxacina [NOR; 10 µg]); fenicolos (cloranfenicol [CHL; 30 µg]); sulfonamidas potenciadas (trimetoprima-sulfametoxazol [SXT; 25 µg]); y nitrofuranos (nitrofurantoina [NIT; 300 µg]). Se consideraron resistentes a múltiples fármacos (MDR) aquellas cepas que presentaron resistencia (incluyendo fenotipos intermedios) a al menos tres antibióticos de diferentes categorías antimicrobianas, de acuerdo con los criterios establecidos [18].

Análisis estadístico

La prevalencia de *Salmonella*, subespecie, serovariedad y susceptibilidad a los antibióticos fue analizada a través de estadística descriptiva. El análisis entre variables categóricas se realizó mediante la prueba exacta de Fisher de dos colas (cuando las frecuencias fueron menores a 5) o la prueba de Chi-cuadrado (X²), estableciendo un nivel de significación cuando $P < 0,05$. Todos los análisis estadísticos se realizaron utilizando el software IBM SPSS (Chicago, SPSS Inc. EE. UU).

RESULTADOS Y DISCUSION

Identificación molecular de subespecies de *Salmonella*

De las 536 muestras analizadas, se aislaron 96 cepas de *Salmonella* spp. (17.9 %). De estas, el 94.79 % (91/96) correspondió a *S. enterica* y el 5.21 % (5/96) a *S. bongori*.

En cuanto a las subespecies de *S. enterica*, el 79.12 % (72/91) perteneció a subespecies no entéricas, distribuidas de la siguiente manera: *S. enterica* subesp. *salamae* 26.37 % (24/91), *S. enterica*

subesp. *houtenae* 21.9 % (20/91), *S. enterica* subesp. *diarizonae* 13.2 % (12/91), *S. enterica* subesp. *arizonae* 10.9 % (10/91) y *S. enterica* subesp. *indica* 6.6 % (6/91) (FIG. 1). Por su parte, *S. enterica* subesp. *enterica* representó el 3.54 % (19/536) del total de muestras analizadas.

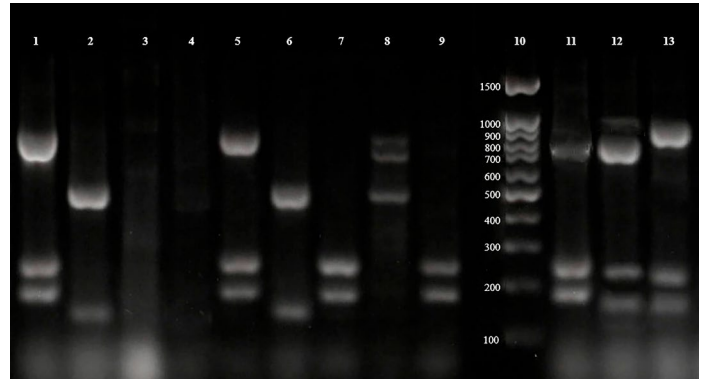


FIGURA 1. Amplificación de marcadores moleculares para determinar la subespecie de *Salmonella* en heces de *Iguana iguana*. Carril 1; gen *fliB* (848 pb), *INVA* (244 pb) y *stn* (179 pb) de *S. enterica* sub. *enterica* serovariedad Typhi como control positivo. Carril 3 y 4, control negativo (*Escherichia coli*). Carril 5; gen *fliB* (848 pb), *INVA* (244 pb) y *stn* (179 pb), carril 6; *gatDP* (501) y *STM4057* (137 pb) de *S. enterica* sub. *enterica*. Carril 7; gen *INVA* (244 pb) y *stn* (179 pb), carril 8; gen *fliB* (848 pb), *mdcA* (728 pb) y *gatDP* (501), de *S. enterica* sub. *salamae*. Carril 9; gen *INVA* (244 pb) y *stn* (179 pb) de *S. enterica* sub. *houtenae*. Carril 10; marcador de peso molecular Lambda (100 pb; Invitrogen, EE. UU). Carril 11; gen *mdcA* (728 pb), *INVA* (244 pb) y *stn* (179 pb) de *S. enterica* sub. *arizonae*. Carril 12; gen *fliB* (848 pb), *mdcA* (728 pb), *INVA* (244 pb) y *stn* (179 pb) de *S. enterica* sub. *diarizonae*. Carril 13; gen *fliB* (848 pb), *INVA* (244 pb) y *stn* (179 pb) de *S. enterica* sub. *indica*

El 20,8 % (19/91) de las cepas correspondieron a *S. enterica* subesp. *enterica*. En la TABLA I se muestra la asociación de subespecies de *Salmonella* spp. con características del manejo de la iguana verde. La mayor frecuencia de *Salmonella* se observó en adultos (20,6 %; 57/276; $P \geq 0,05$) en comparación con los juveniles (15,0 %; 39/260). Entre los positivos, los adultos presentaron mayor prevalencia de *S. enterica* subesp. *enterica* (24,5 %; 14/57; $P \leq 0,05$) que los juveniles (12,8 %; 5/39). Sin embargo, en iguanas juveniles se observó una mayor frecuencia de *S. enterica* subesp. no *enterica* (82,05 %; 32/39; $P \leq 0,05$) en comparación con los adultos (70,1 %; 40/57). En las hembras se registró una mayor frecuencia de *S. enterica* subesp. *enterica* (29 %; 9/31; $P \leq 0,05$) en comparación con los machos (19,2 %; 5/26).

Además, se observó una mayor frecuencia de *S. enterica* subesp. *enterica* en las iguanas en etapa de oviposición (33,3 %; 4/12; $P \geq 0,05$) respecto a las iguanas en reproducción (26,3 %; 5/19). Las iguanas muestreadas en la región metropolitana presentaron mayor la frecuencia de *S. enterica* subesp. *enterica* (20 %; 11/55; $P \geq 0,05$) que aquellas iguanas muestreadas en Istmo Costa (19,5 %; 8/41).

Estos hallazgos son consistentes con otros reportes en los que se describen los reptiles como portadores de *Salmonella*, incluidas diferentes especies de iguanas [19]. Se ha reportado subespecies de *Salmonella* como *enterica* (34,6 %), *houtenae* (23,1 %), *arizonae* (23,1 %), *diarizonae* (15,4 %) y *salamae* (3,8 %) en reptiles en cautiverio en Croacia [20].

TABLA I
Asociación entre cepas de subespecies de *Salmonella* y características de *Iguana iguana* en Chiapas, México

Categoría	Frecuencia de <i>Salmonella</i> % (n)	<i>Salmonella enterica</i> subespecie						<i>Salmonella bongori</i> % (n)
		<i>enterica</i> % (n)	<i>salamae</i> % (n)	<i>arizonae</i> % (n)	<i>diarizonae</i> % (n)	<i>houtenae</i> % (n)	<i>indica</i> % (n)	
Edad (n)								
Juveniles (260)	15 (39)	12,8 (5)	28,2 (11)	10,26 (4)	12,8 (5)	23 (9)	7,7 (3)	5,1 (2)
Adultos (276)	20,6 (57)	24,5 (14) *	22,8 (13)	10,5 (6)	12,3 (7)	19,3 (11)	5,2 (3)	5,2 (3)
Sexo								
Hembra (141)	22 (31)	29 (9) *	16,1 (5)	12,9 (4)	12,9 (4)	19,3 (6)	3,2 (1)	6,4 (2)
Macho (135)	19,26 (26)	19,2 (5)	30,7 (8)	7,7 (2)	11,5 (3)	19,2 (5)	7,6 (2)	3,8 (1)
Fin zootécnico								
Reproductores (72)	26,4 (19)	26,3 (5)	15,8 (3)	15,8 (3)	5,2 (1)	21 (4)	5,2 (1)	10,5 (2)
Ovoposición (69)	17,4 (12)	33,3 (4)	16,6 (2)	8,3 (1)	25 (3)	16,7 (2)	0	0
Región								
Metropolitana (270)	20,4 (55)	20 (11)	20 (11)	10,9 (6)	12,7 (7)	21,8 (12)	7,3 (4)	7,3 (4)
Istmo Costa (266)	15,4 (41)	19,5 (8)	31,7 (13)	9,7 (4)	12,1 (5)	19,5 (8)	4,9 (2)	2,4 (1)

*Estadísticamente significativo $P < 0,05$: Prueba χ^2

En el 49.4 % de los estudios que analizaron serotipos de *Salmonella* aislados en casos humanos, se confirmó la presencia del mismo serotipo en reptiles, lo que sugiere una posible asociación epidemiológica entre ambas poblaciones. Además, en el 89,4 % de los estudios, se identificó *Salmonella* subespecie *enterica* [5]. No obstante, no existía información sobre la presencia de serovariedades de *Salmonella* del grupo tifoideas y no tifoideas en el intestino de iguanas verdes en cautiverio de UMA.

Identificación molecular de serovariedades de *Salmonella*

De las 19 cepas (3,5 %; 19/536) de *S. enterica* subesp. *enterica* en Iguana verde, el 42,1 % (8/19) amplificaron los genes correspondientes a *S. enterica* subespecie *enterica* serovariedad

Typhi, principalmente en las iguanas juveniles (60 %; 3/5; $P \geq 0,05$) (TABLA II; FIG. 2). *Salmonella* Typhi se observó con mayor frecuencia ($P \geq 0,05$) en las categorías de oviposición (50 %; 2/4), la región metropolitana (45,4 %; 5/11) y machos (40 %; 2/5). Se amplificaron genes correspondientes a *Salmonella* serovariedad Typhimurium (21 %; 4/19), Enteritidis (15,7 %; 3/19) y Paratyphi (5,2 %; 1/19), principalmente en las iguanas adultas, hembras, reproductoras, muestreadas en la región Istmo Costa. Algunas cepas de *S. enterica* subesp. *enterica* no amplificaron los genes del esquema utilizado (15,7 %; 3/19).

Los niños y adultos mayores son más propensos a salmonelosis por serovariedades como Typhi y Paratyphi [21] y se han reportado casos en seres humanos asociados al contacto con reptiles,

TABLA II
Asociación entre serovariedades de *Salmonella enterica* subesp. *enterica* y características de *Iguana iguana* en Chiapas, México

Categoría	Frecuencia de <i>Salmonella</i> % (n)	<i>Salmonella enterica</i> subespecie <i>enterica</i> (n =19)				Otra serovariedad
		Typhi % (n)	Paratyphi % (n)	Enteritidis % (n)	Typhimurium % (n)	
Edad (n)						
Juveniles (5)	60 (3)	0	0	20 (1)	20 (1)	5,1 (2)
Adultos (14)	35,7 (5)	7,1 (1)	21,4 (3)	21,4 (3)	14,2 (2)	5,2 (3)
Sexo						
Hembra (9)	33,3 (3)	11,1 (1)	22,2 (2)	22,2 (2)	11,1 (1)	6,4 (2)
Macho (5)	40 (2)	0	20 (1)	20 (1)	20 (1)	3,8 (1)
Fin zootécnico						
Reproductores (5)	20 (1)	20 (1)	20 (1)	40 (2)	0	10,5 (2)
Ovoposición (4)	50 (2)	0	25 (1)	0	25 (1)	0
Región						
Metropolitana (11)	45,4 (5)	0	18,1 (2)	18,1 (2)	18,1 (2)	7,3 (4)
Istmo Costa (8)	37,5 (3)	12,5 (1)	12,5 (1)	25 (2)	12,5 (1)	2,4 (1)

*Estadísticamente significativo $P < 0,05$: Prueba χ^2

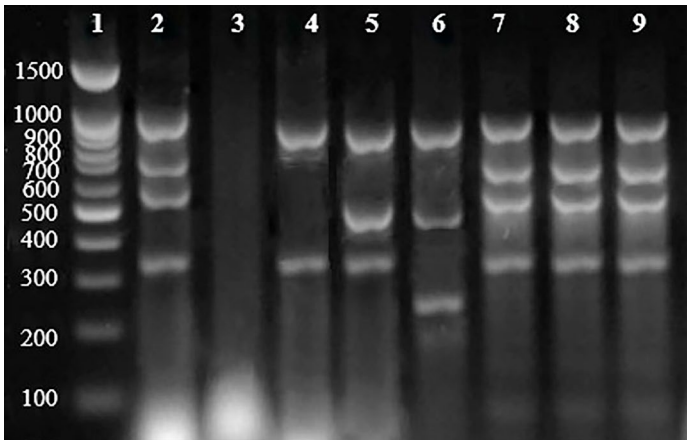


FIGURA 2. Amplificación de marcadores moleculares para determinar la serovariedad de *Salmonella enterica* sub. *enterica* en heces de iguana iguana. Carril 1, marcador de peso molecular Lambda (100 pb; Invitrogen, EE. UU). Carril 2: gen *invA* (881 pb), *viaB* (738 pb), *fliC* (587 pb) y *ptr* (369 pb) de *S. enterica* subespecie *enterica* serovariedad Typhi como control positivo; Carril 3, control negativo (*Escherichia coli*). Carril 4: gen *invA* (881) y *ptr* (369 pb) de *S. enterica* subespecie *enterica* serovariedad Paratyphi. Carril 5: gen *invA* (881 pb), *IAC* (455 pb) y *ptr* (369 pb) de *S. enterica* subespecie *enterica* serovariedad Enteritidis. Carril 6: gen *invA* (881 pb), *IAC* (455 pb) y *ack* (240 pb) de *S. enterica* subespecie *enterica* serovariedad Typhimurium. Carriles 7, 8 y 9: gen *invA* (881 pb), *viaB* (738 pb), *fliC* (587 pb) y *ptr* (369 pb) de *S. enterica* subespecie *enterica* serovariedad Typhi

de *Salmonella*, tanto tifoidea como no tifoidea [23, 24, 25]. Algunas condiciones fisiológicas de la iguana verde influyen en esta diseminación, las hembras en UMA constantemente son perseguidas por los machos territoriales y están sometidas al estrés fisiológico asociado a la reproducción, lo que podría debilitar temporalmente su sistema inmunológico y facilitar la colonización por *Salmonella* [26].

Susceptibilidad antimicrobiana de las cepas de *Salmonella*

El 57,9% (11/19) de las cepas de *Salmonella enterica* subespecie *enterica* fueron resistentes al antibiótico Ampicilina, entre otros (TABLA III). El 32,3% (31/96) de las cepas de *Salmonella* fueron MDR. El gen *blaTEM* fue el más frecuente entre las subespecies de *Salmonella*, detectado en la mayoría de las cepas analizadas, tanto de *S. enterica* como de *S. bongori*. También se identificaron combinaciones con *blaTEM*+ *blaCTX* + *blaSHV* (FIG. 3), principalmente en *S. enterica* subsp. *enterica* y *houtenae*. Los integrones de clase 1 fueron detectados en todas las cepas resistentes a la ampicilina (datos no mostrados en la TABLA).

Los resultados obtenidos en este estudio concuerdan con reportes previos sobre resistencia a antibióticos β-lactámicos en *Salmonella* aislado en reptiles [27]. Aunque los tratamientos con antibióticos en reptiles son poco frecuentes [5], la resistencia a la ampicilina (57,9% en *Salmonella enterica* subsp. *enterica* podría estar asociada a la presión selectiva generada por el uso indiscriminado de este fármaco en medicina humana, veterinaria y agricultura [28]. Las fluoroquinolonas (como ciprofloxacino) son consideradas tratamiento de primera línea para salmonelosis invasivas en humanos y animales, por lo que el análisis de los patrones de resistencia observados en

generalmente en condiciones de higiene deficientes [6, 22]. En el manejo de la iguana verde mantenidas en cautiverio, los factores como el origen del alimento, la calidad del agua y las prácticas de manejo podrían estar relacionados con la adquisición

TABLA III
Susceptibilidad hacia los antibióticos en subespecies de *Salmonella* (n = 96) aislado en heces de iguana verde

Antimicrobianos	<i>Salmonella enterica</i> subespecie						<i>Salmonella bongori</i> % (n = 5)
	<i>enterica</i> % (n = 19)	<i>salamae</i> % (n = 24)	<i>arizonae</i> % (n = 10)	<i>diarizonae</i> % (n = 12)	<i>houtenae</i> % (n = 20)	<i>indica</i> % (n = 6)	
AMP	57,9 (11)	29,2 (7)	30 (3)	33,3 (4)	40 (8)	50 (3)	40 (2)
AMC	36,4 (7)	20,8 (5)	30 (3)	25 (3)	30 (6)	16,7 (1)	20 (1)
CAR	26,3 (5)	12,5 (3)	40 (4)	16,7 (2)	20 (4)	16,7 (1)	0
OXA	15,8 (3)	8,3 (2)	20 (2)	16,7 (2)	20 (4)	33,3 (2)	20 (1)
AMK	26,3 (5)	12,5 (3)	20 (2)	25 (3)	25 (5)	16,7 (1)	0
GEN	15,8 (3)	16,7 (4)	10 (1)	16,7 (2)	15 (3)	0	40 (2)
NET	15,8 (3)	12,5 (3)	10 (1)	8,3 (1)	10 (2)	0	40 (2)
CEF	26,3 (5)	8,3 (2)	20 (2)	25 (3)	5 (1)	16,7 (1)	20 (1)
CTX	10,5 (2)	12,5 (3)	30 (3)	16,7 (2)	15 (3)	33,3 (2)	20 (1)
CIP	15,8 (3)	8,3 (2)	10 (1)	16,7 (2)	15 (3)	0	0
NOR	10,5 (2)	4,2 (1)	20 (2)	8,3 (1)	20 (4)	0	0
CHL	10,5 (2)	4,2 (1)	0	16,7 (2)	15 (3)	0	0
SXT	26,3 (5)	0	10 (1)	25 (3)	25 (5)	16,7 (1)	0
NIT	15,8 (3)	4,2 (1)	20 (2)	8,3 (1)	10 (2)	33,3 (2)	0
TET	21 (4)	0	10 (1)	25 (3)	20 (4)	16,7 (1)	40 (2)
ERI	26,3 (5)	0	20 (2)	8,3 (1)	15 (3)	16,7 (1)	20 (1)

AMP: Ampicilina, AMC: Amoxicilina-Acido clavulánico, CAR: Carbenicilina, OXA: Oxacilina, AMK: Amikacina, GEN: Gentamicina, NET: Netilmicina, CEF: Cefalotina, CTX: Cefotaxima, CIP: Ciprofloxacina, NOR: Norfloxacin, CHL: Cloranfenicol, SXT: Trimetoprima-sulfametoxazol, NIT: Nitrofurantoina, TET: Tetraciclina, ERI: Eritromicina

este estudio permite inferir riesgos potenciales para este antibiótico clave [29] y otros como SXT [30].

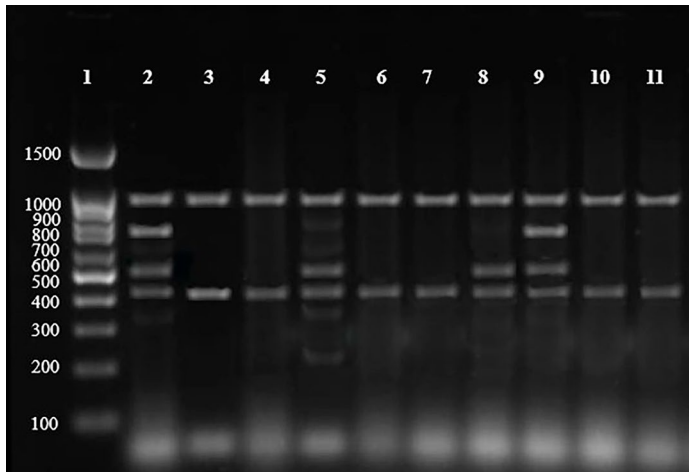


FIGURA 3. Amplificación de genes β -lactamasa en subespecies de *Salmonella* aislado en heces de *Iguana iguana*. Carril 1; marcador de peso molecular Lambda (100 pb; Invitrogen, EE. UU). Carril 2; gen *bla*TEM (1080 pb), *bla*SHV (795 pb), *bla*CTX (550 pb) e integrón de clase I (483 pb) en *S. enterica* subsp. *enterica*. Carril 3; gen *bla*TEM (1080 pb) e integrón de clase I (483 pb) en *S. enterica* subsp. *salamae*. Carril 4; gen *bla*TEM (1080 pb) e integrón de clase I (483 pb) en *S. enterica* subsp. *arizonae*. Carril 5; gen *bla*TEM (1080 pb), *bla*CTX (550 pb) e integrón de clase I (483 pb) en *S. enterica* subsp. *houtenae*. Carril 6; gen *bla*TEM (1080 pb) e integrón de clase I (483 pb) en *S. enterica* subsp. *indica*. Carril 7; gen *bla*TEM (1080 pb) e integrón de clase I (483 pb) en *S. enterica* subsp. *diarizonae*. Carril 8; gen *bla*TEM (1080 pb), *bla*CTX (550 pb) e integrón de clase I (483 pb) en *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Typhi. Carril 9; gen *bla*TEM (1080 pb), *bla*SHV (795 pb), *bla*CTX (550 pb) e integrón de clase I (483 pb) en *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Paratyphi. Carril 10; gen *bla*TEM (1080 pb) e integrón de clase I (483 pb) en *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Enteritidis. Carril 11; gen *bla*TEM (1080 pb) e integrón de clase I (483 pb) en *S. enterica* subsp. *enterica* serovar Typhimurium

La detección de genes codificantes de β -lactamasas, especialmente *bla*TEM (presente en todas las subespecies), respalda la hipótesis de que este gen es un determinante clave en la resistencia a penicilinas y la coexistencia de *bla*CTX y *bla*SHV en algunas cepas refleja la emergencia de resistencia a cefalosporinas de espectro extendido, lo que podría limitar las opciones terapéuticas en infecciones graves [31]. No se encontraron *bla*OXA en ninguna de las cepas de *Salmonella*, sin embargo, sería interesante otros estudios para extender el espectro *bla*OXA-10 [32].

La presencia universal de integrones de clase 1 en cepas resistentes a ampicilina sugiere un rol crucial en la diseminación horizontal de genes de resistencia, facilitando la adquisición de perfiles MDR [33]. A pesar de que el tratamiento con antibióticos en reptiles es raro, su potencial zoonótico es latente, por lo tanto, la ausencia de cepas XDR (por sus siglas del inglés Extensively Drug-Resistant) indica que aún existen opciones antibióticas efectivas, como Cefotaxima y Ciprofloxacino, aunque su uso debe ser racional para evitar la selección de resistencias adicionales [34].

En conjunto, estos hallazgos evidencian que las iguanas verdes en cautiverio dentro de UMA son portadoras de una amplia diversidad de subespecies y serovariedades de *Salmonella*, incluyendo algunas de importancia en salud pública como Typhi y Typhimurium, y que

portan cepas con perfiles de resistencia a antibióticos de primera línea. La presencia de elementos genéticos móviles, como integrones de clase 1 y genes *bla*, subraya el potencial de estas bacterias para actuar como reservorios y diseminadores de resistencia antimicrobiana en la interfaz animal-humano-ambiente. Estos resultados aportan información base para el diseño de programas sanitarios y de manejo en las UMA, orientados a mitigar los riesgos de transmisión de patógenos zoonóticos y preservar la eficacia de los antimicrobianos, sin demeritar el importante papel que estos sistemas productivos tienen en la conservación de la especie y el desarrollo comunitario en la región.

CONCLUSIONES

El estudio evidenció que la iguana verde mantenida en cautiverio en UMA de Chiapas es portadora de *Salmonella enterica* subsp. *enterica*, incluyendo serovariedades de importancia clínica como Typhi, Typhimurium, Enteritidis y Paratyphi. Asimismo, se detectó resistencia a la ampicilina, así como la presencia de genes β -lactamasa principalmente *bla*TEM y de integrones de clase 1 en todas las cepas resistentes, lo que refleja un riesgo potencial de diseminación de cepas MDR hacia otros animales y humanos.

La diversidad de subespecies identificadas y su asociación con características del manejo confirman que las condiciones de cautiverio influyen en la prevalencia y distribución de este patógeno. La detección de estos mecanismos de resistencia revela, además, que las iguanas verdes actúan como reservorios de determinantes antimicrobianos en la interfaz animal-humano-ambiente. En este contexto, la sostenibilidad del aprovechamiento de la iguana verde en las UMA dependerá de la implementación de programas sanitarios basados en evidencia que permitan integrar la conservación de la especie con los riesgos zoonóticos y de salud pública.

AGRADECIMIENTOS.

Queremos agradecer la asistencia proporcionada por la unión de propietarios de las UMA del estado de Chiapas, México.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que este estudio se realizó en ausencia de relaciones comerciales o financieras que pudieran interpretarse como un posible conflicto de interés, y que todas las personas dieron su consentimiento informado antes de ser incluidas en el estudio.

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICA

- [1] Sahu AA, Sephalika S, Mohakud NK, Sahu BR. Prevalence and multidrug resistance in non-typhoidal *Salmonella* in India: A 20-year outlook. Acta Microbiol. Hell. [Internet]. 2025; 70(1):6. doi: <https://doi.org/qzsq9>
- [2] Onyeke BO, Nahed B. Pathogenicity, epidemiology, and advances in the treatment of multidrug-resistant *Salmonella* infections: A narrative review. Glob. Acad. J. Med. Sci. [Internet]. 2025; 7(3):102–114. doi: <https://doi.org/qztb>
- [3] Buzilă ER, Dorneanu OS, Trofin F, Sima CM, Iancu LS. Assessing *Salmonella* Typhi pathogenicity and prevention: The crucial role of vaccination in combating typhoid fever. Int. J. Mol. Sci. [Internet]. 2025; 26(9):3981. doi: <https://doi.org/qztd>

- [4] García DJ, Moura D, Grispoli L, Cenci GB, Saraiva S, Silva F, Saraiva C, Ausina J. *Salmonella* spp. in domestic ruminants, evaluation of antimicrobial resistance based on the One Health approach-A systematic review and meta-analysis. *Vet. Sci.* [Internet]. 2024; 11(7):315. doi: <https://doi.org/qztg>
- [5] Pees M, Brockmann M, Steiner N, Marschang RE. *Salmonella* in reptiles: a review of occurrence, interactions, shedding and risk factors for human infections. *Front. Cell. Dev. Biol.* [Internet]. 2023; 11:1251036. doi: <https://doi.org/qzth>
- [6] Benabdallah R, Saoudi H, Matallah F, Ebani VV, Ayachi A, Aoun L. Reptile trade and chelonians-associated Salmonellosis in humans: A public health concern. *Comp. Immunol. Microbiol. Infect. Dis.* [Internet]. 2025; 117:102305. doi: <https://doi.org/qzti>
- [7] McWhorter AR, Whiley H. Zoonotic risks: *Salmonella* and *Campylobacter* in reptiles. *Microbiol. Australia* [Internet]. 2025; 46:34–37. doi: <https://doi.org/qztk>
- [8] Arcos GJL, Reynoso RVH, Mendoza MGD, Hernández SD. Identificación del sexo y medición del crecimiento en iguana negra (*Ctenosaura pectinata*) en las etapas de cría y juvenil. *Vet. México* [Internet]. 2005 [consultado 22 Ago 2025]; 36(1):53–62. Disponible en: <https://goo.su/ZeEtrU>
- [9] Gutiérrez JJ, Luna CLM, Mendoza OMI, Díaz MGJ, Burguete GJC, Feliciano GJM. Organización, mantenimiento y preservación de la Colección de Cultivos Bacterianos del Instituto de Ciencias Biológicas de la Universidad de Ciencias y Artes de Chiapas (UNICACH), México. *Rev. Soc. Venezolana Microbiol.* [Internet]. 2015 [consultado 18 Sep 2025]; 35:95–102. Disponible en: <https://goo.su/VnwuZ>
- [10] Lee K, Iwata T, Shimizu M, Taniguchi T, Nakadai A, Hirota Y, Hayashidani H. A novel multiplex PCR assay for *Salmonella* subspecies identification. *J. Appl. Microbiol.* [Internet]. 2009; 107(3): 805–811. doi: <https://doi.org/bvvdv44>
- [11] Kumar S, Balakrishna K, Batra HV. Detection of *Salmonella enterica* serovar Typhi (S. Typhi) by selective amplification of *invA*, *viaB*, *fliC-d* and *prt* genes by polymerase chain reaction in multiplex format. *Lett. Appl. Microbiol.* [Internet]. 2006; 42(2):149–154. doi: <https://doi.org/fnpw7r>
- [12] O'Regan E, McCabe E, Burgess C, McGuinness S, Barry T, Duffy G, Whyte P, Fanning S. Development of a real-time multiplex PCR assay for the detection of multiple *Salmonella* serotypes in chicken samples. *BMC Microbiol.* [Internet]. 2008; 8:156. doi: <https://doi.org/fq6wj6>
- [13] Ahmed AM, Motoi Y, Sato M, Maruyama A, Watanabe H, Fukumoto Y, Shimamoto T. Zoo animals as reservoirs of gram-negative bacteria harboring integrons and antimicrobial resistance genes. *Appl. Environ. Microbiol.* [Internet]. 2007; 73(20):6686–6690. doi: <https://doi.org/c7d9x9>
- [14] Gray JT, Hungerford LL, Fedorka-Cray PJ, Headrick ML. Extended-spectrum-cephalosporin resistance in *Salmonella enterica* isolates of animal origin. *Antimicrob. Agents Chemother.* [Internet]. 2004; 48(8):3179–3181. doi: <https://doi.org/bpg2rb>
- [15] Mazel D, Dychinco B, Webb VA, Davies J. Antibiotic resistance in the ECOR collection: integrons and identification of a novel *aad* gene. *Antimicrob. Agents. Chemother.* [Internet]. 2000; 44(6):1568–1574. doi: <https://doi.org/bg4ktz>
- [16] White PA, McIver CJ, Rawlinson WD. Integrons and gene cassettes in the Enterobacteriaceae. *Antimicrob. Agents. Chemother.* [Internet]. 2001; 45(9):2658–2661. doi: <https://doi.org/dh4q56>
- [17] Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). Performance standards for antimicrobial susceptibility testing. 30th ed. CLSI Supplement M100. Wayne (Penn, USA): CLSI. 2020 [consultado 18 Sep 2025]. Available in: <https://goo.su/RSWFcz>
- [18] Magiorakos AP, Srinivasan A, Carey RB, Carmeli Y, Falagas ME, Giske CG, Harbarth S, Hindler JF, Kahlmeter G, Olsson B, Paterson DL, Rice LB, Stelling J, Struelens MJ, Vatopoulos A, Weber JT, Monnet DL. Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: An international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance. *Clin. Microbiol. Infect.* [Internet]. 2012; 18(3):268–281. doi: <https://doi.org/bbqzpj>
- [19] Prud'homme Y, Burton FJ, McClave C, Calle PP. Prevalence, incidence, and identification of *Salmonella enterica* from wild and captive Grand Cayman iguanas (*Cyclura lewisi*). *J. Zoo Wildl. Med.* [Internet]. 2018; 49(4):959–966. doi: <https://doi.org/qztp>
- [20] Lukac M, Pedersen K, Prukner RE. Prevalence of *Salmonella* in captive reptiles from Croatia. *J. Zoo Wildl. Med.* [Internet]. 2015; 46(2):234–240. doi: <https://doi.org/f7f2k2>
- [21] Bruning AH, van den Beld M, Laverge J, Welkers MR, Kuil SD, Bruisten SM, van Dam AP, Stam AJ. Reptile-associated *Salmonella* urinary tract infection: a case report. *Diagn. Microbiol. Infect. Dis.* [Internet]. 2023; 105(4):115889. doi: <https://doi.org/qzta>
- [22] Roncarati D, Vannini A, Scarlato V. Temperature sensing and virulence regulation in pathogenic bacteria. *Trends Microbiol.* [Internet]. 2025; 33(1):66–79. doi: <https://doi.org/g8jhp8>
- [23] Rabiou AG, Fadji O, Adesoji AT, Jimoh SO, Cho S. A review of the environmental spread of *Salmonella enterica* serovars through water in Africa. *Lett. Appl. Microbiol.* [Internet]. 2025; 78(2):ovaf005. doi: <https://doi.org/qztr>
- [24] Godínez OA, Sampedro F, Bowman JP, Garcés VF, Hernández IM. Risk ranking of food categories associated with *Salmonella enterica* contamination in the central region of Mexico. *Risk Anal.* [Internet]. 2023; 43(2):308–323. doi: <https://doi.org/g4n5mp>
- [25] Oludairo OO, Kwaga JK, Kabir J, Abdu PA, Gitanjali A, Perrets A, Cibirin V, Lettini AA, Aiyedun JO. Ecology and epidemiology of *Salmonella* spp. isolated from the environment and the roles played by wild animals in their maintenance. *Int. J. One Health* [Internet]. 2023; 9(1):1–9. doi: <https://doi.org/qzts>
- [26] Goetz MJ, Schmidt, Weissenbacher A. EAZA Best Practice Guidelines for the Lesser Antillean iguana (*Iguana delicatissima*). European Association of Zoos and Aquariums, Amsterdam (Netherlands): EAZA Reptile Taxon Advisory Group. 2023. 55 p. doi: <https://doi.org/qztt>

- [27] Song DH, He X, Chi Y, Zhang Z, Shuai J, Wang H, Li Q, Du M. Cytotoxicity and antimicrobial resistance of *Salmonella enterica* subspecies isolated from raised reptiles in Beijing, China. *Animals* [Internet]. 2023; 13(2):315. doi: <https://doi.org/qztw>
- [28] Khan M, Shamim S. Understanding the mechanism of antimicrobial resistance and pathogenesis of *Salmonella enterica* serovar Typhi. *Microorganisms* [Internet]. 2022; 10(10):2006. doi: <https://doi.org/qztx>
- [29] Liu M, Zhu K, Li X, Han Y, Yang C, Liu H, Du X, Xu X, Yang H, Song H, Qiu S, Xiang Y. Genetic characterization of a *Salmonella enterica* serovar typhimurium isolated from an infant with concurrent resistance to ceftriaxone, ciprofloxacin and azithromycin. *J. Global Antimicrob. Resist.* [Internet]. 2023; 35:252–256. doi: <https://doi.org/qztz>
- [30] Sunagawa SW, Christopherson C, Bergman SJ, Miller MM, Keintz MR, Wahlig TA, Fey P, Van Schooneveld TC. Rise of the (possible) resistance: a review of susceptibility patterns for nontyphoidal *Salmonella enterica* in Nebraska. *Antimicrob. Steward. Healthc. Epidemiol.* [Internet]. 2023; 3(1):e181. doi: <https://doi.org/qzt2>
- [31] Oh H, Choi Y, Lee J. Antibiotic-resistant *Salmonella* in animal products jeopardize human health. *Food Sci. Anim. Resour.* [Internet]. 2025; 45(2):409–428. doi: <https://doi.org/qzt3>
- [32] Edris SN, Hamad A, Awad DA, Sabeq II. Prevalence, antibiotic resistance patterns, and biofilm formation ability of Enterobacterales recovered from food of animal origin in Egypt. *Vet. World.* [Internet]. 2023; 16(2):403–413. doi: <https://doi.org/g5shzk>
- [33] Yebouet AC, Fossou KR, Kouadjo ZC, Okoh AI, Zézé A. Genetic diversity, Extended-Spectrum Beta-Lactamase (ESBL) screening, and potential public health implications of gram-negative bacteria recovered from man-made lakes and surrounding vegetables. *Microorganisms* [Internet]. 2025; 13(9):1997. doi: <https://doi.org/qzt4>
- [34] Lamichhane B, Mawad AM, Saleh M, Kelley WG, Harrington PJ, Lovestad CW, Amezcua J, Sarhan MM, El Zowalaty ME, Ramadan H, Morgan M, Helmy YA. Salmonellosis: an overview of epidemiology, pathogenesis, and innovative approaches to mitigate the antimicrobial resistant infections. *Antibiotics* [Internet]. 2024; 13(1):76. doi: <https://doi.org/g8rpng>