

Identificación de bacterias patógenas en carnes: Una Revisión de literatura y análisis bibliométrico



Revista EIA
ISSN 1794-1237
e-ISSN 2463-0950
Año XIX/ Volumen 21/ Edición N.42
Julio - diciembre de 2024
Reia4216 pp. 1-36

Publicación científica semestral
Universidad EIA, Envigado, Colombia

PARA CITAR ESTE ARTÍCULO / TO REFERENCE THIS ARTICLE /

Rabelo Florez, R. A. Gutiérrez de Piñerez Ramírez, G. I.; Vasquez García, A.; Wilches López, L.; Brieva Fuentes, J. P.
Identificación de bacterias patógenas en carnes: Una Revisión de literatura y análisis bibliométrico
Revista EIA, 21(42), Reia4216.
pp. 1-36.
<https://doi.org/10.24050/reia.v21i42.1730>

✉ Autor de correspondencia:

Roger Alberto Rabelo Florez1
Magister en Biotecnología
Alimentaria
Universidad Nacional Abierta y a Distancia - UNAD, Colombia roger.rabelo@unad.edu.co

Recibido: 29-09-2023

Aceptado: 27-05-2024

Disponible online: 01-07-2024

✉ ROGER ALBERTO RABELO FLOREZ¹

GLORIA ISABEL GUTIÉRREZ DE PIÑEREZ RAMÍREZ²

ANDREA VASQUEZ GARCIA¹

LISETT WILCHES LÓPEZ³

JHANNA PATRICK BRIEVA FUENTES²

1. Universidad Nacional Abierta y a Distancia - UNAD, Colombia
2. Universidad de Santander, Colombia
3. Universidad de San Buenaventura, Colombia

Resumen

Introducción: Las intoxicaciones alimentarias causadas por bacterias patógenas presentes en carnes son un problema de salud pública creciente. El principal método para la identificación de estos agentes patógenos es la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). **Objetivo:** El propósito de este artículo es revisar la bibliometría de la PCR, aplicado a la identificación de bacterias patógenas en carnes. **Metodología:** Se identifican palabras claves y se estructura ecuación de búsqueda en bases de datos Scopus y WoS. El análisis de grafos fue realizado empleando las herramientas Bibliometrix, Sci2 Tool y Gephi, estos están integrados en el software R studio, posteriormente se realizó la metáfora del árbol de la ciencia. **Resultados:** En los últimos 10 años se incrementó la producción científica en áreas cuyo enfoque es la biología molecular. Los temas más destacados se relacionan con: contaminantes e interferencias en la PCR, la importancia de tener secuencias de control de amplificación interna en la PCR, así como los avances en la estandarización de protocolos de PCR en tiempo real. *Salmonella* y *Listeria monocytogenes* destacan por ser las más investigadas en matrices cárnicas. Los genes más utilizados en la detección de *Salmonella sp* son *staA*, *viaB* y el *sopE* para especies; para *L. monocytogenes* es el gen *hlyA*. **Conclusiones:** Algunos de los países con mayor consumo anual per cápita de carne son los Estados Unidos de Norte América, Kuwait, México, Argentina, Austria y Mongolia, sin embargo, solo los Estados Unidos de Norte América ocupa el tercer lugar en productividad científica en el tema. La PCR ha evolucionado en la forma de identificar microorganismos patógenos desde

sus comienzos, para poder mejorar sus resultados evitando falsos positivos, y optimizar resultados y mejorar la técnica por tanto se generaron nuevas metodologías como la PCR anidada, PCR Taqman, la PCR múltiple, entre otras. Finalmente, en América del Sur es necesario ampliar la investigación aplicada con técnicas moleculares para favorecer la seguridad alimentaria de los consumidores.

Palabras clave: Bacterias; Bases de Datos Bibliográficas; Bibliometría; Carnes; Embutidos; *Escherichia coli*; *Listeria monocytogenes*; PCR; Revisión; *Salmonella*.

Identification of pathogenic bacteria in meats: A Literature review and bibliometric analysis.

Abstract

Introduction: Food poisoning caused by pathogenic bacteria present in meats is a growing public health problem. The main method for the identification of these pathogens is the polymerase chain reaction (PCR). **Purpose:** The purpose of this article is to review the bibliometrics of PCR as applied to the identification of pathogenic bacteria in meats. **Methodology:** Keywords are identified and search equation is structured in Scopus and WoS databases. Graph analysis was performed using the Bibliometrix, Sci2 Tool and Gephi tools, which are integrated in the R studio software, after which the tree of science metaphor was used. **Results:** In the last 10 years, scientific production in areas focused on molecular biology has increased. The most outstanding topics are related to: contaminants and interferences in PCR, the importance of having internal amplification control sequences in PCR, as well as advances in the standardization of real-time PCR protocols. *Salmonella* and *Listeria monocytogenes* stand out as the most investigated in meat matrices. The most used genes in the detection of *Salmonella* sp are *staA*, *viaB* and the *sopE* for species; for *L. monocytogenes* it is the *hlyA* gene. **Conclusions:** Some of the countries with the highest annual per capita meat consumption are the United States of America, Kuwait, Mexico, Argentina, Austria and Mongolia; however, only the United States of America ranks third in scientific productivity on the subject.

Keyword: Bacteria; Bibliographic Databases; Bibliometrics; Meats; Sausages; *Escherichia coli*; *Listeria monocytogenes*; PCR; Review; *Salmonella*.

1. Introducción

Con base en la estadística de producción a nivel mundial, la mayor parte de la población consume productos cárnicos (López *et al.*, 2018) para el año 2023 se tuvo un consumo de 329,7 millones de toneladas métricas (Orùs, 2024) y se considera que el requerimiento mundial de carne aumentará un 57% entre 2005 y 2050 (FAO, 2019). Los productos cárnicos son considerados de alto riesgo para la salud pública debido a varios factores. Su composición nutricional, rica en proteínas y grasas, proporciona un entorno favorable para la proliferación de microorganismos patógenos como bacterias, virus y parásitos. Estos patógenos pueden causar Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETA) si la carne no se maneja, almacena o cocina adecuadamente. Además, es fundamental seguir prácticas adecuadas de higiene y manipulación de alimentos para minimizar estos riesgos. Esto incluye mantener la cadena de frío, cocinar la carne a temperaturas seguras y evitar la contaminación cruzada entre alimentos crudos y cocidos (Cuadrado Cano and Vélez Castro, 2018). Según López *et al.*, estos productos alimenticios son altamente susceptibles a la contaminación bacteriana, colocando en peligro el bienestar de las personas que ingieren esos alimentos (López *et al.*, 2018).

Escherichia coli O157:H7, *Salmonella*, *Campylobacter* y *Listeria monocytogenes*, son los microorganismos más significativos registradas en los episodios de Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETA) a nivel internacional (Khan, 2017; Stingl *et al.*, 2021; Fan *et al.*, 2022). Las ETA son de importancia para la salud pública por la morbimortalidad que provocan (Lopes, Albuquerque and Maciel, 2018) los gastos médicos cada año ascienden a US\$ 110 000 millones (Ministerio de Salud y Protección social, 2022); también tienen consecuencias económicas ya que reducen la economía, al disminuir la capacidad laboral (López *et al.*, 2018). Por este motivo, garantizar la calidad microbiológica de los alimentos, como la carne y sus derivados, juega un papel importante en la reducción del número de patógenos y de toxiinfecciones alimentarias.

Los métodos comúnmente utilizados para detectar patógenos en alimentos se basan en el aislamiento en medios de cultivo microbiológicos, los cuales requieren un largo período experimental

(Khan, 2017); por ejemplo en el caso de *Salmonella*, entre el procedimiento y la obtención de resultados son necesarios de 4 a 6 días (Rodríguez Sánchez and Barrera Saldaña, 2004); para detectar *L. monocytogenes* pueden ser necesarios hasta 7 días, y de 4 a 16 días para aislar *Campylobacter* (Khan, 2017). Además, los resultados pueden ser poco específicos ya que las variables fenotípicas son las mismas; por lo tanto la detección de organismos patógenos en una placa de Petri no es la más exitosa (Petsios *et al.*, 2016). Esto impide las acciones diligentes, lo que aumenta el riesgo de vender productos alimenticios no inocuos, pone en peligro la reputación de la industria manufacturera o de distribución y genera pérdidas económicas debido a productos perecederos. Por lo tanto, la industria alimentaria debe incrementar el uso de técnicas que faciliten un análisis más rápido y seguro de los productos cárnicos, utilizando métodos moleculares como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (Zariñana and De la, 2017).

Hay estudios en varias revistas científicas que demuestran que la PCR presenta celeridad, confiabilidad y sensibilidad

La evidencia mostrada en las publicaciones científicas indica que la PCR es confiable y sensible en los resultados; actualmente están vigentes varias clases de PCR para la detección de bacterias patógenas en cárnicos. Por lo tanto, al realizar una indagación en las fuentes de información de Scopus y web of Science (WoS) a nivel internacional entre el 1 de enero de 2000 hasta el 31 de diciembre de 2022, se hallaron 9 revisiones bibliográficas sobre el uso de PCR para detectar algunos microorganismos, sin embargo, no se encontró ningún documento que incluya todos los detalles de investigación de este estudio, tales como las principales bacterias implicadas en las ETA (enfermedades transmitidas por alimentos) debido al consumo de productos cárnicos y los diferentes tipos de PCR utilizados para su detección. Esto evidencia la falta de un análisis exhaustivo en las revisiones bibliográficas sobre este tema.

En coherencia con lo anterior, el presente trabajo aporta al estado del arte del uso de PCR en la detección de patógenos en carnes, a partir del análisis holístico de la revisión de literatura del tema. De tal manera que puedan ser identificados patrones y tendencias de información que contribuyan en la comprensión del tema.

Los datos obtenidos fueron gestionados y procesados a través de

la herramienta R studio – Posit studio v3, seguidamente se desarrolló la diagramación bibliométrica mediante un estudio de red y se ordenaron los documentos más importantes. Para llevar a cabo esto, se usó la metáfora del árbol de la ciencia, la cual, los separa en tres estructuras; raíces, tallo y hojas (*clúster*), seleccionando así, los temas más sobresalientes de la investigación. Finalmente, se analizaron los trabajos más destacados de cada área temática.

Este estudio de revisión se desarrolló en cuatro fases relevantes. 1) se estableció el procedimiento aplicado en la elección, indagación, análisis y legitimación de los artículos científicos, usando los criterios de búsqueda establecidos. 2) se elaboró una revisión y análisis de la teoría acerca de TPCR para SCLE en C. 3) se desarrolló el análisis bibliométrico y de redes. 4) Finalmente, se escriben las conclusiones, las restricciones y recomendaciones para futuros trabajos acerca de la temática de esta investigación.

2. Metodología

Para buscar la información referente al tema, se usó la biblioteca virtual de la Universidad Nacional Abierta y a Distancia – UNAD (Colombia) y se emplearon las bases de datos de Scopus y WoS, a partir de la ecuación de búsqueda (ver Tabla I). Esta ecuación de búsqueda se realizó una revisión previa de palabras, teniendo en cuenta la variedad de sinónimos de carnes procesadas, para poder determinar la ecuación de búsqueda precisa. Las bases de datos WoS y Scopus permitieron obtener los resultados de búsqueda de conocimiento más completos (Echchakoui, 2020), y son las bases de datos más importantes del mundo, porque que tienen directrices de calidad que la hacen ser confiables (Bar-Ilan, 2010; Zhu and Liu, 2020).

Tabla I. Parámetros de búsqueda de documentos bibliográficos en las bases de datos de WoS y Scopus.

Fuentes de Datos	WoS	Scopus
Años de Consulta	2000 – 2022	
Día de Consulta	11/2/2023	
Filtro Búsqueda	Título	
Clase de documento	Documentos científicos tipo artículo	
Clase de Revista	Incluye todos	
Ecuación de Indagación	(("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"))	
Resultados	116	151
Total	168	

Fuente. Elaboración propia (2023).

Los datos bibliográficos (semillas) se obtuvieron a partir de las bases de datos Scopus y Web of Science. Luego, con la información obtenida las semillas, se empleó Bibliometrix la cual es un código gratuito que ayuda el mapeo científico y está integrado en el software R Studio Cloud (Posit Cloud), para realizar la estructuración de la información de acuerdo con los datos arrojados del software (Duque & Cervantes-Cervantes, 2019). En esta fase se estudió la información bibliométrica que comprende: productividad científica por años, productividad científica por países, estudio de revistas, estudio de investigadores con alta productividad científica, red de correferencia, malla de cooperación de investigadores, malla de cooperación entre territorios, malla de co-ocurrencia de palabras y estudio de revistas con alta productividad científica (Robledo et al., 2014).

Seguidamente, se realizó un análisis de redes (metáfora del árbol de la ciencia), a través de la metodología de grafos, este procedimiento facilitó extraer datos significativos de la red, utilizando dos herramientas integradas en R Studio Cloud, Sci2 Tool y Gephi, la primera transformó los datos bibliográficos en una red y la segunda facilitó la visualización y análisis de la red

(Duque & Cervantes-Cervantes, 2019), lo anterior permitió la selección de los documentos con mayor número de citas (lo cual conforma la raíz del árbol de la ciencia) lo que indica su estatus canónico y predominante; también se describieron aquellos cuya intermediación o mediación es mayor (estructurando el tronco); y por último, las hojas, que son las áreas de investigación más relevantes para un tema o clúster (Rabelo Florez, 2022).

Tomado como partida la metáfora del árbol de la ciencia, se logró obtener la evolución de la PCR, en la detección de las más importantes bacterias patógenas en carnes y derivados cárnicos, estableciendo las serovariedades más perjudiciales para el consumidor de estos productos, y las clases de PCR más utilizadas en su identificación. Además, fue posible anotar las secuencias de ADN bacterianas más replicadas y detallar variables como el margen de detección, precisión y horas requeridas para la obtención de resultados en los tipos de PCR encontrados. Lo anterior permitió el estudio de las referencias bibliográficas, acerca de los TPCR para SCLE en C.

3. Resultados y Discusión

3.1. Bibliometría

En el análisis de producción y bibliometría, se aplicaron las etapas bibliométricas determinadas por (Zupic and Čater, 2015), las cuales son estudio de citas, co-ocurrencia de palabras, cocitaciones de coautores y de análisis de similitud bibliográfico. Después de aplicar los parámetros de búsqueda especificadas en la metodología, se encontraron 116 documentos en WoS y 151 en Scopus. Luego de excluir los documentos repetidos, se alcanzó un total de 168 registros, lo que equivale a una superposición del 58,9% demostrando la importancia de usar las dos bases de datos en conjunto. El software aplicado para el estudio bibliométrico es Biblometrix de R-Studio (Aria and Cuccurullo, 2017), esta es una herramienta de amplio uso en análisis bibliométrico (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).

Como resultado se obtuvo que, el 92% de los artículos publicados en las bases de datos WoS y Scopus están en inglés (ver figura 1A), el motivo es porque los autores postulan sus resultados de investigación en inglés, porque es un idioma de acceso universal y predominante lo que lleva a una mayor visibilización del artículo y tiene más probabilidades de ser indexados en bases de datos internacionales, para aumentar el índice H, debido al mayor número de citaciones (Vera-Baceta, Thelwall and Kousha, 2019).

3.2. Estudio histórico de la productividad científica

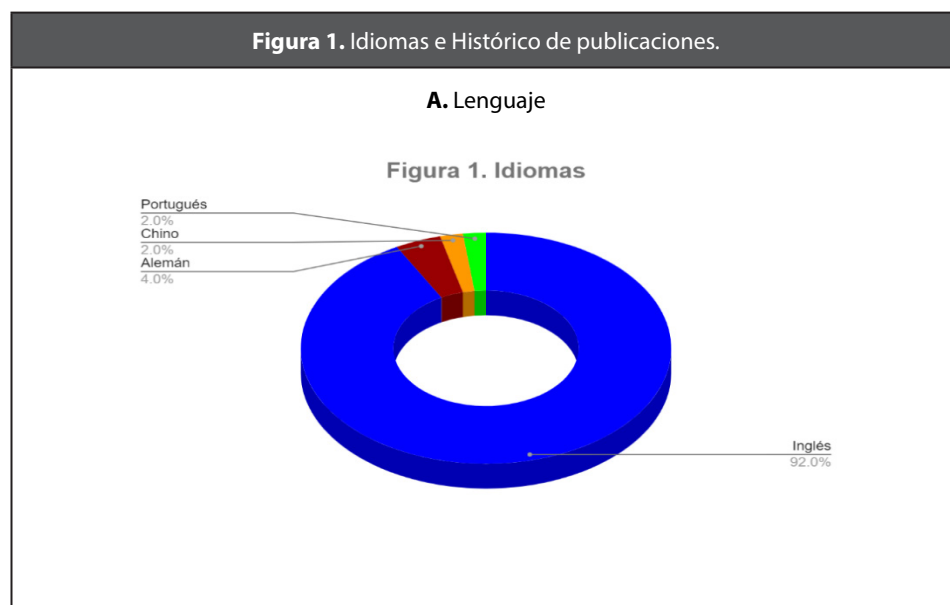
En la ilustración 1B, se enlistan la cantidad de publicaciones acerca de la temática de TPCR para SCLE en C, entre los años 2000 y 2022. Teniendo en cuenta los datos obtenidos a partir de las bases de datos WoS y Scopus, se comprobó que el tema logró un ligero incremento a través de los años. Se distingue que, en la última década ha tenido un aumento en la elaboración científica del 38,7% y con porcentaje de incremento anual del 7,25%. Esta información demuestra un incremento del interés del sector académico y científico en este tema del conocimiento. También se señala en la figura 1B, elevaciones de producción científica entre los años 2006 y 2010.

3.3. Análisis por países de la productividad científica entre los años 2000-2022.

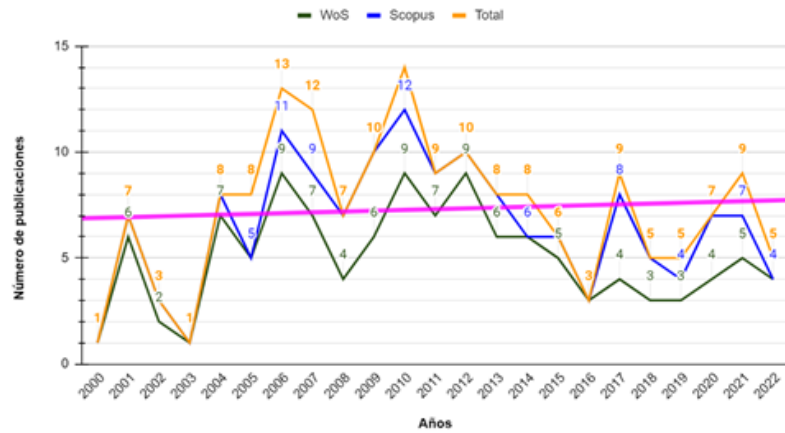
En la ilustración 1C, se muestra el número de publicaciones de artículos en cada base de datos. Se advierte que las publicaciones que se encuentran en Scopus, también se pueden encontrar en WoS, por lo tanto, se contabilizó las no duplicadas y se tomó el dato total de publicaciones. Se presenta el número de publicaciones por países, destacando los 10 relevantes a nivel mundial. Turquía ocupa el primer puesto con 15 artículos científicos (8,93%), luego España y Estados Unidos con 13 (7,74%) producciones cada uno. Se destaca Brasil como país suramericano en el sexto lugar con un total de 10 documentos publicados. Teniendo en cuenta lo anterior, 4 países son de Europa con 48 publicaciones (28%), 4 son de Asia con 33 publicaciones (19,6%), 1 de Norte América con

13 publicaciones (7,7%) y 1 de Suramérica con 10 publicaciones (5,95%). Los primeros 10 países (figura 1C) representan el 61,25% de la productividad internacional de publicaciones referente al tema de TPCR para SCLE en C.

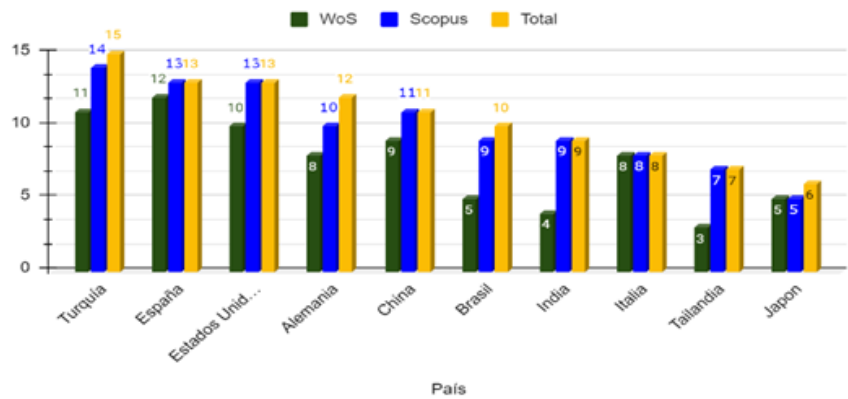
Algunos de los países con mayor consumo anual per cápita de carne son los Estados Unidos de Norte América con un consumo de 119,4 kg, seguido de Kuwait con 97,5 kg, México (63 kg), Argentina (54,1 kg), Austria (65,6 kg) y Mongolia (49,3 kg) (Fajardo Rico, 2019), de acuerdo a lo anterior se pensaría que estas regiones lideran los estudios acerca de la calidad bacteriológica de este producto alimenticio, sin embargo, solo una cifra es coherente y es la de Estados Unidos, ocupando el tercer lugar en productividad científica en el tema de TPCR para SCLE en C, el resto de naciones no se encuentran en la lista de los primeros 10 países de producción científica. Según Scopus y Web Of Science, en países de Sur América, es muy baja la publicación de artículos que se han realizado acerca del tema de TPCR para SCLE en C. Esto es congruente con el aumento de casos de ETA que se presenta en estos países, dado que en América latina 77 millones de seres humanos enferman y 9000 fallecen cada año a causa de alimentos contaminados por bacterias patógenas (González Salas, Vidal del Río and Monsalve Guamán, 2023).



B. Publicaciones por año – WoS, Scopus, Total y Tendencias de número de publicaciones.



C. Productividad científica por Países WoS, Scopus y Total entre el 2000 al 2022.



Fuente. Elaboración propia (2023)

3.4. Análisis de autores de la productividad científica entre los años 2000-2022

En la Tabla II se destacan los 10 científicos con mayor número de artículos publicados acerca de la temática de TPCR para SCLE en C, ordenadas por la cantidad de producciones científicas consignadas en WoS y Scopus, además se enlista la cantidad de referencias y el Índice-H (este es un parámetro que mide la cantidad de publicaciones y el impacto de las citas de cada investigador (Hirsch, 2005)). La relación de autores es liderada por De Medici, Dario, adscrito al Instituto Superior de Salud - Italia (7 artículos, 3259 citas y un índice H de 32). Luego sigue Delibato, Elisabetta, adscrita al Instituto

Superior de Salud - Italia (7 artículos, 1059 citas y un índice H de 19). Se resalta que Garriga, Margarita, asociada al Instituto de Investigación y Tecnologías Agroalimentarias - España, está ubicada en el puesto 7 de la lista, de acuerdo a Scopus esta citada 6734 veces y con un índice H de 48, sin embargo, solo tiene 4 publicaciones. De igual forma, sobresale Aymerich, Teresa, adscrita al Instituto de Investigación y Tecnologías Agroalimentarias - España, ubicada en la casilla número 3 del listado, según WoS posee 4830 citas y un índice H de 41. Se puede advertir que, algunos científicos tienen pocos artículos publicados en comparación con otros, pero su índice H es mayor, dando a entender que son investigadores con alto número de citas al interior de la comunidad científica con respecto a este tema de investigación.

Es importante señalar que, a pesar de que Turquía es el país que lidera la producción científica en el tema, ver figura 1C, esto no se refleja en el listado del estudio de la productividad científica por autores (tabla II), si bien los tres autores de este país aparecen dentro de los 10 primeros, no ocupan el primer puesto como se esperaría. No se observan indicadores de cooperación entre países en investigación en el tema de TPCR para SCLC en C como se evidencia en la red de cooperación de investigadores (figura 2B), esto hace que el número de producciones disminuya en comparación con otros autores de otros países, donde la cooperación es alta entre autores de diferentes nacionalidades.

Tabla II. Estudio de investigadores con alta productividad científica entre los años 2000-2022

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

Fuente. Elaboración propia (2023)

3.5. Análisis de Revistas de la productividad científica entre los años 2000-2022

En la Tabla III, se anotan las 10 revistas científicas con alto número de documentos científicos publicados acerca del tema de TPCR para SCLE en C. Se describe la información bibliográfica de las fuentes de información de WoS y Scopus. El 20,84% están ubicadas en Q1. Las dos primeras revistas con alto número de publicaciones acerca del tema tratado, son la Journal of Food Protection, con 13 publicaciones, y la Journal of Food Safety con 12 estudios, ambas de los Estados Unidos. En el tercer puesto, se encuentra la revista Internacional de Microbiología de los Alimentos de los Países Bajos con 10 estudios. Teniendo en cuenta lo anterior, las revistas ubicadas en las 3 primeras posiciones son las más relevantes con relación al tema, proporcionan el 20,83% de la productividad total. Del total de las revistas listadas a Estados Unidos le pertenece el 40%, a los países Bajos otro 40 %, India posee el 10% y Reino Unido 10 %. Con alto 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 alto Índice SJR es Meat Science con 1,3. En términos generales, se puede señalar que, independiente de que algunas revistas tienen bajo número de producciones que otras, su índice H (SJR) y el índice SJR es mayor, lo que significa que son revistas con alto impacto al interior de la comunidad académica.

Tabla III. Productividad por revistas entre los años 2000-2022

Ítem	Revista	WoS	Scopus	Total	Porcentaje	Cuartil	SJR (2021)	H-Índex (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

Fuente. Elaboración propia (2023)

3.6. Redes de la productividad científica entre los años 2000-2022

Las estructuras en redes científicas muestran la relación entre los documentos científicos y las revistas en las que aparecen (González-Valiente, 2019). Se utiliza una red de cocitación de palabras para descifrar la configuración cognitiva de un tema; las estructuras en redes basadas en autores de artículos se usan para inferir la organización intelectual un área temática; finalmente, los esquemas de revistas se pueden usar para proporcionar una descripción general macro de la ciencia o para mostrar las diferencias dentro de una disciplina (Calero Medina and Leeuwen, 2012).

En la Figura 2, señalan los 4 aspectos relevantes que constituyen el análisis de los datos bibliográficos. Se hace evidente la red de correferencia de autores (figura 2A). Es decir, los autores establecen relaciones de coocurrencia a través de terceros que se refieren a ellos (Miguel, Moya-Anegón and Herrero-Solana, 2007; Sustacha *et*

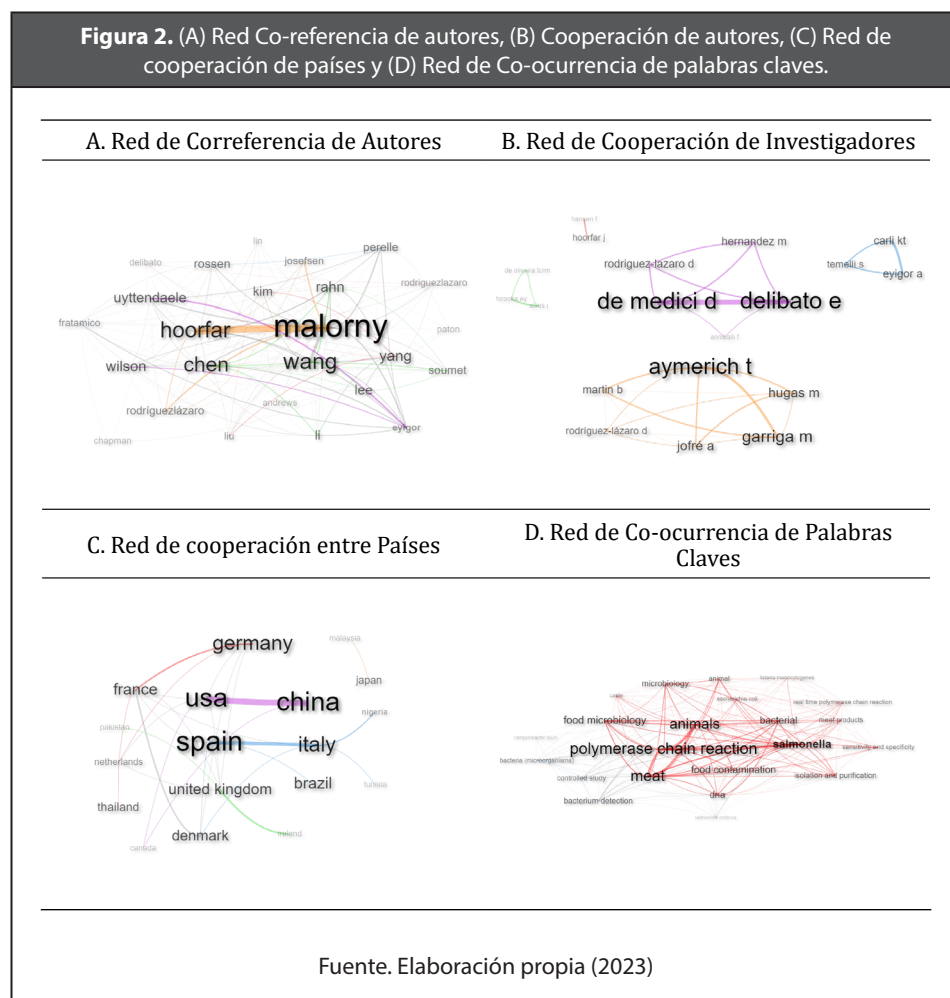
al., 2022). Esto muestra a los autores más citados como, Burkhard Malorny del Instituto Federal de Evaluación de Riesgos y Hoorfar Jeffrey de la Universidad Técnica de Dinamarca. Los dos autores tienen una fuerte relación de correferencia, debido a las líneas gruesas (ver figura 2A) y las afinidades temáticas que los conectan.

Luego se muestra la red de cooperación de investigadores (figura 2 B), se reconocen cinco agrupaciones de trabajo, pero solo dos de ellos resaltan, la primera agrupación es la más representativa por sus fuertes lazos temáticos. Debido a la fuerte cooperación en cuanto al número de manuscritos divulgados (Corrales-Reyes, 2017), está conformado por 4 investigadores, donde sobresalen: 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), cabe resaltar, el Instituto Superior de salud de Italia, en el cual laboran De Medici Dario y Celibato Elisabetta, porque la conexión científica de estos autores es relevante. El grupo número 2 está conformado por 6 investigadores, 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), sobresalen en esta agrupación la sinergia científica entre el Instituto Superior de Salud de Italia, Instituto tecnológico Agrario de Castilla y León de España y la Universidad de Burgos de España. Entre los autores es importante resaltar a Garriga Margarita y Aymerich Teresa por su alto índice H con cooperación internacional. También se destaca la colaboración entre tres autores de un mismo país (Turquía), los cuales son Eyigör Aysegül, Carli Kamil Tayfun y Temelli Seran. Mostrar esta relación entre equipos de trabajo en diferentes países es relevante, porque permite la posibilidad de crear redes de investigación que maximizan la creación de nuevo conocimiento.

Luego, se puede observar la red de trabajo entre países (figura 2C) donde sobresalen, España (13 publicaciones), China

(11 publicaciones), Estados Unidos (13 publicaciones), Italia (8 publicaciones) y Alemania (12 publicaciones), como países significativos en la elaboración científica de la temática de TPCR para SCLE en C, se demuestra una fuerte cooperación entre Estados Unidos y China de igual forma entre España e Italia; Alemania tiene un vínculo de cooperación con Francia. Además, se resalta que Turquía un país con mayor número de publicaciones (15) en el área objeto de este estudio, no establece relación de cooperación con otro país, esto sucede porque los autores más significativos tienen su sede en ese país y la cooperación es al interior de este, esto se señala en la (figura 2B), donde los autores Carli Kamil Tayfun, Eyigör Ayşegül y Temelli Seran, se apoyan entre sí.

Seguidamente, se logra observar la malla de coocurrencia de palabras (figura 2D), mostrando 2 principales grupos: el primero (en rojo) se distinguen las palabras de “Reacción en Cadena de la Polimerasa”, “Carne” y “*Salmonella*” y el segundo (en gris), resaltan las palabras compuestas “Estudio de Control” y “Detección Bacteriana”. En esta figura se nota, que los estudios se inclinan a solucionar la problemática referente al tema de TPCR para SCLE en C.



3.7. Análisis de Red de la productividad científica entre los años 2000-2022

Las citas bibliográficas se estructuraron en una red de referencias utilizando el concepto de grafos; esta es una fase que proporciona información acerca de la tipología, las desigualdades en la red y los conjuntos de datos que la componen (Wallis, 2007; Yang, Zheng and Keller, 2016). Seguidamente, se aplicaron tres parámetros bibliométricos: el *Indegree* (número de veces que un artículo es referenciado en otros documentos, estos conforman la raíz), el *Outdegree* (es cuando autores de artículos recientes citan a autores de documentos antiguos, pero los artículos recientes no son citados, estos conforman las hojas) (Wallis, 2007); y el *Betweenness* (Freeman, 1977), son autores que referencian investigaciones

anteriores a ellos y a su vez estos son citados por los autores de las hojas, estos conforman el tronco (Zhang and Luo, 2017).

Como resultado, se logra una red de datos del tema, organizada por los artículos tomados de las fuentes bibliográficas aludidas y de sus respectivas referencias. Esta estructura en red de cocitaciones, ayuda al rastreo de la constitución de un área de la ciencia, asimismo facilita la inspección de nuevas áreas de investigación (Gurzki and Woisetschläger, 2017; Zuschke, 2020). Para poder obtener la gráfica de la red de datos del área de este estudio, se empleó la aplicación de Gephi de Rstudio (Bastian, Heymann and Jacomy, 2009); Gephi es una aplicación de código abierto que sirve para visualizar gráficos de redes y contiene herramientas para analizarlos (Tobing and Arianto, 2022).

Se estudiaron las mediciones de los parámetros bibliográficos para los artículos de red, lo que facilitó categorizar los documentos usando la metáfora de árbol (Robledo, Osorio and Lopez, 2014; Valencia-Hernandez *et al.*, 2020). Obteniendo esta relación, se muestran tres partes: 1) la raíz (mayor *indegree*) (Wallis, 2007); 2) el tallo (alto *betweenness*) (Zhang and Luo, 2017) y 3) las hojas (alto *outdegree*) (Wallis, 2007). Este método, ha sido aplicado y revisado en documentos previos (Barrera Rubaceti *et al.*, 2021; Buitrago *et al.*, 2019; Clavijo-Tapia *et al.*, 2021; Dodino-Gutiérrez *et al.*, 2023; Duque & Cervantes-Cervantes, 2019; Duque, Meza, *et al.*, 2021; Duque-Hurtado, Toro-Cardona, *et al.*, 2020; Rabelo Florez, 2022; Ramos-Enríquez *et al.*, 2021; Torres *et al.*, 2022; Trejos-Salazar *et al.*, 2021).

Para el estudio se escogieron los artículos con los indicadores más altos (mayor *indegree*, *betweenness* y *outdegree*), y se estructuraron aplicando la simbología del árbol o planta de la ciencia; los trabajos sobresalientes (raíz), los artículos fundamentales (tallo) y documentos recientes (hojas o tendencias de investigación) (ver Figura 3). Para detectar las agrupaciones semejantes de estudios, se utilizó el algoritmo de clúster establecido por Blondel, el cual consiste en obtener agrupaciones de los nodos de una red, de tal forma que permita observar dentro de una red, diferentes comunidades o clúster conformadas por nodos altamente conectados (Blondel *et al.*, 2008).

previamente. En este punto, se describen investigaciones con relación a los contaminantes que pueden estar involucrados en la PCR. También, se menciona la importancia de las secuencias de Control de Amplificación Interno - (IAC) para evitar errores en la detección de bacterias patógenas por presencia de inhibidores. Además, se destaca el avance y la legitimación de la PCR en tiempo real, con óptimos resultados.

Rossen et al (1992) describió, que varias sustancias ubicadas en los alimentos dificultan el análisis de la PCR; también se evidenció que compuestos como jabones, muramidasa, hidróxido de sodio, alcohol, *N,N*-Eicosanedioil-Di-L-acido glutámico (EDGA) y Etilenglicol-bis (beta-aminoetiléter)-*N,N'*-ácido tetracético (EGTA), aplicados en los protocolos de extracción de ADN poseen un efecto inhibitorio; también, diferentes medios de cultivo (caldo Fraser, caldo para enriquecimiento de *Listeria* modificado, y Rappaport) intervienen en la técnica produciendo efecto inhibitorio de la actividad de la polimerasa (Rossen *et al.*, 1992); en otra investigación aseguran que los inhibidores frecuentes incluyen compuestos de los alimentos (ej., sustancias orgánicas y fenoles, glicógeno, lípidos y calcio) y compuestos medioambientales (ej., derivados del fenol, compuestos húmicos y elementos metálicos pesados); existen inhibidores más complejos que comprenden estructuras de células microbianas, ADN que no es de interés, polvo, talco para guantes, compuestos de plástico de laboratorio y celulosa; a pesar de ello afirman que 10^5 Unidades Formadoras de Colonias (UFC/mL) de células bacterianas, no impiden la replicación específica del ADN de *Escherichia coli* en muestras alimenticias (Wilson, 1997).

En otro trabajo se estudió la amplificación de secuencias de desoxinucleótidos dentro del gen *invA* de *Salmonella typhimurium* como mecanismo para detectar *Salmonella*; se analizó una compilación de 630 cepas de *Salmonella* que abarcan más de 100 serovares y además se analizaron cepas variadas de este microorganismo; como producto se obtuvo un segmento de ADN de 284 pb que se observó en geles de agarosa al 2%, todas las cepas de *Salmonella* se identificaron y ninguna de las cepas diferentes a *Salmonella* logró la amplificación específica (Rahn *et al.*, 1992)G.

En años posteriores, un artículo de investigación sobre microbiología alimentaria, describió las posibles soluciones al

problema de la inhibición, donde se destacan la dilución de la muestra y el cultivo de enriquecimiento, los cuales son métodos sencillos, aunque pueden disminuir la sensibilidad; por otra parte los autores afirman que la separación inmunomagnética es el método más prometedor, para utilizarse en lisados celulares de muestras complejas como los alimentos; este trabajo también reveló 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; en conclusión, a medida que se comprendan mejor los tipos de compuestos y el mecanismo de inhibición, esto permitirá desarrollar métodos de extracción y purificación simplificados y mejorados teniendo en cuenta el tipo de muestra (Wilson, 1997).

En 1999, un estudio valoró una metodología basada en la Reacción en Cadena de la Polimerasa Multiplex (m-PCR), para la identificación de todas las serovariedades de *Salmonella*, tomando muestras ambientales de criaderos de gallinas; en el procedimiento aplicaron tres protocolos distintos antes del uso de la PCR y fueron comparados con el método de medios de cultivo; en el primer protocolo utilizaron segregación inmunomagnética; en el segundo protocolo, la extracción del ADN se realizó aplicando la matriz Instagene TM; y en el tercer protocolo, se aisló en el medio de cultivo MSR - Semisólido Modificado RAPPAPORT-VASSILIADIS; como producto se obtuvieron 8 resultados positivos por PCR con el primer y segundo protocolo; con la metodología tradicional se encontraron 20 positivos; con el tercer protocolo se obtuvieron resultados semejantes a los obtenidos con el procedimiento tradicional y facilitó la detección de *Salmonella* en 2 días (Soumet *et al.*, 1999).

Posteriormente, una investigación realizada en el 2000, se utilizó PCR taqman para la identificación 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 (IAC) 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, Ahrens and Rådström, 2000).

Además, en un artículo científico donde utilizaron carne picada y pescado, entre otras matrices alimentarias, se evidenció la ausencia de validación y protocolos estandarizados al utilizar la PCR, así como la calidad de los reactivos y equipos que inciden en la transmisión eficiente del procedimiento de la PCR, de los laboratorios de investigación hasta los laboratorios finales (Malorny *et al.*, 2003).

Debido a las dificultades para repetir los resultados publicados, por la variabilidad en la productividad de los termocicladores de PCR, en la eficacia de las diferentes polimerasas, a la existencia de inhibidores de PCR en la matriz de la muestra y la inexistencia de un IAC (Hoorfar *et al.*, 2003, 2004), el funcionamiento de las PCR en los laboratorios de usuarios finales se ha visto entorpecido, razón por la cual el Comité Europeo de Normalización - CEN, en cooperación con la Organización Internacional de Normalización - ISO, ha sugerido una norma general, la cual exige que sólo las PCR que incluyen IAC son viables para iniciar un ensayo cooperativo multicéntrico, como requisito preliminar para la normalización (Hoorfar *et al.*, 2003).

Hoorfar *et al.*, 2003, proponen que la elaboración del IAC se puede lograr de varias formas, a selección y prudencia del usuario, y proponen el método de competencia para minimizar el riesgo de uniones no deseadas de varios cebadores y para que las dos PCR (la específica de destino y la específica de IAC) trabajen con igual conjunto de cebadores y en situaciones de PCR iguales (Hoorfar *et al.*, 2004).

(Perelle *et al.*, 2004) usaron LC-PCR (en tiempo real con LightCycler) y un examen inmunoenzimático por PCR (PCR-ELISA) para identificar *Salmonella* en las matrices, pescado y carne de res picada; como producto, los análisis PCR-ELISA y LC-PCR evidenciaron igual nivel con cultivos axénicos de *Salmonella* con un límite de identificación de 10^3 UFC/ml, que responde respectivamente a 50 y 10 células por tubo de PCR, a pesar de varios inconvenientes de inhibición, los ensayos LC-PCR y PCR-ELISA fueron muy específicos

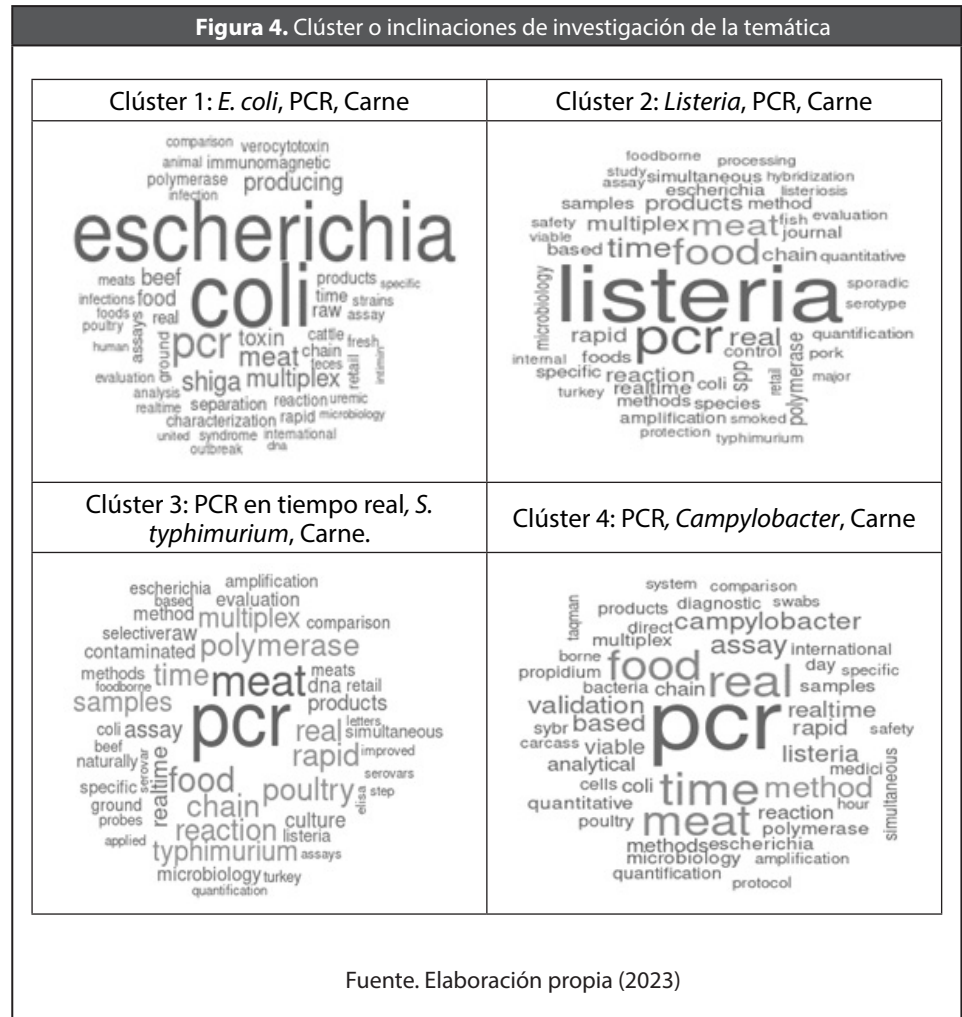
y sensibles; luego (Malorny *et al.*, 2004), crearon y legitimaron una PCR en tiempo real con nucleasa 5' (TaqMan), para la identificación específica de *Salmonella* en las matrices alimentarias; usaron cebadores diseñados especialmente y un objetivo de sonda dentro del locus *ttrRSBCA*, además de un control de amplificación interno, que se coreplica con iguales cebadores que el ADN de *Salmonella*; el ensayo detectó las 110 cepas de *Salmonella*; se evidenció que aplicando la PCR, la exactitud diagnóstica de *Salmonella* es del 100 %, en contraste con la metodología de cultivo tradicional; el tiempo total del ensayo de PCR fue de 24 h aproximadamente, a diferencia de los 4 a 5 días de análisis por el método tradicional.

3.9. Tronco

En este ítem el programa R studio, resaltó 1 publicación como la más sobresaliente acerca de la temática de TPCR para SCLE en C, porque este autor es el punto de conexión bibliográfica entre los documentos de la raíz y los documentos de las hojas. En esta sección se resaltan los documentos cuyo betweenness son los más sobresalientes (investigadores que citan a los de la raíz y además son referenciados por artículos más recientes de las hojas). En esta sección los autores comparan el procedimiento de la PCR con el procedimiento usado por la ISO; realizaron un ensayo inmunoabsorbente ligado a ELISA, unido con un análisis de inyección de flujo (ELISA-FIA) y un método basado en PCR, que usa los cebadores ST11 y ST15, para identificar *Salmonella* en carnes de cerdo, pollo y ternera, en paralelo con el método ISO 6579/2002; las supuestas colonias de *Salmonella* se caracterizaron serológicamente usando sueros comerciales; los métodos se aplicaron a carne contaminada experimentalmente con *Salmonella* y contaminadas naturalmente obtenidas de tiendas minoristas; al comparar los métodos rápidos (ELISA y PCR) con el método ISO 6579/2002, se logró evidenciar que los métodos rápidos son eficientes permitiendo el análisis sincrónico de muchas muestras y poseen el mismo porcentaje de precisión relativa (100%) en comparación con ISO, por lo tanto se pueden utilizar como herramienta de garantía de calidad microbiológica en los sistemas de gestión de calidad de las industrias cárnicas (Crocì *et al.*, 2004).

3.10 Hojas (tendencias de investigación)

Con la revisión bibliográfica desarrollada, R studio ordenó la información en 4 grandes clústeres o tendencias de investigación utilizando palabras claves, detallados en la Figura 4, aquí se plasman las investigaciones más actuales del tema. Seguidamente, se presentan a continuación:



En el *clúster* 1, se muestra un incremento en la producción asociada con *Escherichia coli*. Uno de los estudios comprueban a través de la PCR multiplex la proliferación de *E. coli* en diversas matrices cárnicas crudas en tiendas, evidenciando la multirresistencia, a través de los exámenes de susceptibilidad a antibióticos de uso regular, aplicando el método de difusión en

disco; también resaltan que este microorganismo se encuentra de manera amplia en las moscas domésticas las cuales cumplen un rol significativo en la reproducción de bacterias resistentes a los antibióticos desde los ambientes contaminados a los alimentos (Chandrakar *et al.*, 2022). En otra investigación, cuya finalidad fue desarrollar una verificación interna de la técnica alternativa desarrollada basada en PCR multiplex (*mPCR*), para identificar *Escherichia coli* sintetizadora de toxina Shiga (STEC) en carnes de cerdo, pollo y de res crudas siguiendo la norma ISO 16140-2, advirtieron que el nivel relativo de detección de la *mPCR* desarrollada para STEC fue de 0,756, evidenciando su potencial como instrumento para la identificación rápida, específica y sensible de este microorganismo en la industria de la carne cruda (Jaroenporn *et al.*, 2022).

En el *clúster 2*, se resalta que la bacteria más estudiada es la *Listeria*; en un estudio donde se valoraron tres métodos opcionales para identificar *L. monocytogenes* en jamón curado conforme a la norma ISO 16140-2:2016; en el primer procedimiento valoraron la impedancia (medida de los cambios en la oposición eléctrica de un medio de cultivo debido al crecimiento de microorganismos; este método distingue entre células viables y muertas) seguida de siembra en agar cromogénico; en el segundo método estudiaron la impedancia continuada por la hibridación de ARN y en el tercero usaron PCR en tiempo real para la detección de la bacteria de interés; demostrando que los tres métodos alternativos evaluados fueron adecuados debido a la ausencia de reacción cruzada con todas las cepas probadas, incluida *L. innocua*, que está estrechamente relacionada con *L. monocytogenes*. Los LOD50 (límite de detección 50) fueron similares para los tres métodos estudiados y para el método de referencia, mostrando valores bajos (< 1 UFC de *L. monocytogenes*/ 25 g) para todos, los RLOD (Limite de detección relativo) de los tres métodos alternativos evaluados cumplieron con los límites establecidos. Sin embargo para el primer y tercer método se lograron excelentes resultados en el estudio de sensibilidad (Labrador *et al.*, 2018). En otro estudio crearon una combinación de técnicas de segregación inmunomagnética (IMS) y PCR en tiempo real (*qPCR*), para identificar *Salmonella* spp., *Listeria monocytogenes* y *Escherichia coli* O157:H7 (O157:H7) en diferentes carnes de forma

rápida y precisa, como producto se obtuvo una sensibilidad del 100%, una especificidad del 98,1% y la precisión fue de 98,5% (Fan *et al.*, 2022).

En el *clúster* 3, se evidencia el uso de la PCR para la detección de bacterias patógenas en diferentes matrices cárnicas. (Öz *et al.*, 2020) sugirieron un nuevo procedimiento para la identificación express de *Salmonella*, usando droplet digital PCR (ddPCR) y PCR en tiempo real, como producto todas las carnes picadas crudas estudiadas obtuvieron amplificaciones positivas en las regiones del ADN (*invA* o *bipA*) para *Salmonella*, evidenciando una especificidad de cebador completa sin productos falsos positivos o falsos negativos. En otra investigación, analizaron la presencia de *Salmonella* spp. en carnes de pollo por el método de cultivo tradicional, ELISA y PCR; encontrando positividad en el 17% de las muestras (34 de 200); con respecto a la detección de la bacteria en ciertas partes del pollo se encontró a *Salmonella* spp. en un 15% en la carcasa, 20% en piernas y en un 16,6% en alas; de acuerdo con los métodos usados se detectó *Salmonella* spp. en un 34 % en medio de cultivo tradicional, 32 % por PCR y 26 % por ELISA (Aras, Sanioglu Gölen and Kevenk, 2022). (Zhanabayeva *et al.*, 2021), desarrollaron un estudio microbiano en aves de corral expendidas en el territorio de Mongolia para detectar serovariedades y plásmidos de *Salmonella* y establecer el gen de virulencia que sintetiza la resistencia a los antibióticos y las características de transmigración de la misma, la detección genética se ejecutó mediante PCR Multiplex; se detectó *Salmonella enteritidis* en muestras de pollo de la empresa estadounidense Tyson, de la empresa china Xilingol y de una empresa nacional.

En otra investigación estudiaron las muestras de carne recolectadas de los mercados de Izmir y Balikesir (Turquía), para detectar la presencia de *Salmonella* spp. y valorar los perfiles de resistencia a antibióticos de esta cepa; la presencia de estas bacterias en las muestras se identificó por el método PCR en tiempo real, encontrándose en un 27,3 % de las 50 muestras de carne de pollo cruda; el ensayo de difusión de antibióticos en disco evidenció que *Salmonella* spp. era resistente a penicilina G, sulfametoxazol, eritromicina y ampicilina (Irkin, Bozkurt and Tumen, 2021).

En el *clúster* 4, se describen estudios en la detección de *Campylobacter* en carnes usando PCR. (Syarifah *et al.*, 2020),

detectaron las especies de *Campylobacter jejuni* y *Campylobacter coli* cultivadas de carne de pollo utilizando *qPCR* en tiempo real y estudiaron las variaciones en los patrones de la curva de fusión de ambas especies; se obtuvo una prevalencia del 61,9% de *Campylobacter* spp. en pollo; con relación a la detección, 41,07% de los aislados fueron *C. jejuni*; 39,29% de *C. coli*; 10,71% una combinación entre *C. jejuni* y *C. coli*, y 8,93% fueron *Campylobacter* spp., todos los crecimientos de *C. jejuni* y *C. coli* arrojaron patrones diferentes de curvas de fusión. Esto comprueba la especificidad del método con PCR cuantitativa en tiempo real para cada uno de los crecimientos bacterianos.

En otro estudio, refieren que la contaminación bacteriana de los alimentos cárnicos cambia según el estado climático, el nivel financiero de la empresa y el seguimiento a la calidad; además se advirtió que *Campylobacter* fue aislada en el 57% de las carnes contaminada de los casos ocurridos en Australia en 1995 hasta el 2000 (Whyte *et al.*, 2002; Zhanabayeva *et al.*, 2021).. Luego (Stingl *et al.*, 2021) diseñaron un procedimiento de viabilidad cuantitativa de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (v-*qPCR*), perfeccionado para el conteo de *Campylobacter termofílico* spp., para usarlo de manera pragmática y validarlo según ISO 16140-2:2016; como producto, consiguieron legitimar un protocolo interlaboratorio, además *Campylobacter* se utilizó como microorganismo modelo, desafiando la metodología tradicional y podría facilitar la aceptación general de la *qPCR*, diferenciando microorganismos vivos de muertos en la matrices alimentarias.

(Lazou *et al.*, 2021), mencionaron las implicaciones dependientes del proceso durante la medición de células reproducibles de *Campylobacter coli* en la matriz cárnica a lo largo del tiempo, advierten que la PCR cuantitativa de monoazida de propidio MA-*qPCR*, logró el recuento de colonias en términos de cuantificación de células de *C. coli* viables pero no cultivables (VBNC), que se reprodujeron con el tiempo en la carne y son probablemente infecciosas e igualmente significativas, desde una visión de salud pública como su contrapartes cultivables.

4. Conclusiones

En las investigaciones realizadas en los años 2006, 2007 y 2010 se muestra un aumento en la atención de la comunidad científica en el tema de TPCR para SCLE en C, esto se debe al requerimiento de garantizar y estandarizar técnicas de PCR que faciliten la identificación de bacterias patógenas en matrices cárnicas y derivados, de una forma rápida y confiable. A pesar de ello, en los recientes años la cantidad de artículos publicados disminuyó, pero no de igual manera a inicios del año 2000; se infiere que esta disminución es debido a las nuevas tecnologías de detección de bacterias patógenas en alimentos.

Los investigadores que tienen baja producción científica, no siempre su índice H es menor, pudiendo ser citados con mayor frecuencia, brindando un aporte significativo a la comunidad académica y científica. Esta situación es frecuente en autores con alta cooperación internacional, donde cada integrante del artículo brinda aportes significativos al documento, facilitando el aumento en las citaciones y eso lleva a un alto índice H.

De las cuatro bacterias dianas de este estudio, *Salmonella* y *Listeria monocytogenes* se destacan por ser las más investigadas en matrices cárnicas; es necesario mencionar que las secuencias de los genes más utilizados 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*.

Con base en las investigaciones científicas hasta el 2022, este es el primer estudio de revisión bibliográfica y bibliométrica acerca de TPCR para SCLE en C, que ha aplicado el software de libre acceso R studio, para revisar la producción científica de este tema. Este estudio, ayudó al análisis de una red que explica la conexión de 168 artículos durante 23 años, logrando seleccionar los documentos principales, hegemónicos y publicaciones recientes y estos son de relevancia, porque permite detectar las inclinaciones de estudio en este tema; tornándose en una guía para el análisis del desarrollo y la actualidad acerca de TPCR para SCLE en C.

Se utilizó Web of Science y Scopus para la búsqueda de la información, como resultado los documentos que no figuran en estas bases de datos, no fueron tenidos en cuenta para este

estudio. Las directrices de búsqueda para TPCR para SCLE en C, quizás tenga algunas restricciones, puesto que algunas palabras claves referentes al tema no fueron tenidas en cuenta. En las próximas investigaciones se propone ahondar en este tema, también adentrarse en las diferentes tendencias propuestas.

5. Recomendaciones finales

Seguidamente, se sugieren temas para próximas investigaciones relacionados a TPCR para SCLE en C (Ver tabla IV).

Tabla IV. Perspectivas

Perspectiva	Tema	Referencia
Escherichia coli, PCR, Carne	El método de mPCR complementado con medio de enriquecimiento simultáneo modificado para identificar a la vez, STEC, <i>L. monocytogenes</i> y <i>Salmonella</i> spp., debe ser evaluado y validado en otros tipos de alimentos a conformidad con las especificaciones de la ISO 16140-2: 2016	(Jaroenporn et al., 2022)
	Se necesitan más estudios orientados a la estandarización de mRTPCR de tubo único basada en EvaGreen para la identificación sincrónica de <i>L. monocytogenes</i> , <i>E. coli</i> y <i>Salmonella</i> spp. con otras cepas y diferentes matrices alimentarias.	(Bundidamorn, Supawasit and Trevanich, 2018) iHB00HdbemJZiF75// frfwEoMZb5</data> * MERGEFORMAT
Listeria, PCR, Carne	El protocolo de segregación inmunomagnética múltiple (mIMS) y qPCR multiplex evidenció porcentajes de sensibilidad del 100 %, 98,1 % de especificidad y 100 % de precisión, se recomienda utilizar perlas inmunomagnéticas específicas de bacterias de un tamaño de 180, 300 y 600 nm, para examinar muestras complejas de gran volumen y una alta viscosidad.	(Fan et al., 2022)
	El protocolo de lisis de la muestra utilizando un tampón (1 M MgCl ₂ y 50 mM Tris pH 7.6) y luego usando PCR en tiempo real, se expone a la industria de alimentos como una atractiva opción para detectar <i>L. monocytogenes</i> en matrices cárnicas crudas.	(Labrador, Giménez-Rota and Rota, 2021)

Perspectiva	Tema	Referencia
<i>S. typhimurium</i> , PCR en tiempo real, Carne	Es menester más investigaciones, acerca de la identificación de sustancias, que impidan los efectos de las bacterias patógenas en los alimentos y en los consumidores.	(Zhanabayeva <i>et al.</i> , 2021)
	Continuar investigando en el uso de la ddPCR, para usarse en ensayos de rutina, logrando mejoras en los costos.	(Öz <i>et al.</i> , 2020)
<i>Campylobacter</i> , PCR, Carne	Continuar indagando en el mejoramiento de técnicas moleculares, como PMA-qPCR, para conseguir una cuantificación confiable de <i>Campylobacter</i> y esto disminuirá notablemente los requerimientos en términos de tiempo y costo.	(Lazou <i>et al.</i> , 2021)
	Para próximos usos del novedoso método v-qPCR, se sugieren más estudios que evalúen el sesgo de subestimación de UFC dependiendo de la matriz alimentaria.	(Stingl <i>et al.</i> , 2021)

Conflicto de intereses:

Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

Financiación:

El trabajo no recibió financiación por entidad alguna.

Agradecimientos:

Se agradece a la Universidad Nacional Abierta y a Distancia - UNAD, por facilitar el acceso a la biblioteca virtual, el acceso a las bases de datos científicas y el apoyo logístico para poder desarrollar el presente estudio.

6. Referencias bibliográficas

- Acevedo, J., Robledo, S., & Sepúlveda Angarita, M. Z. (2020). Subáreas de internacionalización de emprendimientos: una revisión bibliográfica. *Economicas Cuc ISSN*, 42(1 (2021)), 1–19. <https://doi.org/10.17981/econcuc.42.1.2021.Org.7>
- Aras, Z., Sanioğlu 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. <https://doi.org/10.1016/j.joi.2017.08.007>
- Bar-Ilan, J. (2010). Citations to the “Introduction to informetrics” indexed by WOS, Scopus and Google Scholar. *Scientometrics*, 82(3), 495–506. <https://doi.org/10.1007/s11192-010-0185-9>
- Barrera Rubaceti, N. A., Robledo Giraldo, S., & Zarela Sepulveda, M. (2021). Una revisión bibliográfica del Fintech y sus principales subáreas de estudio. *Económicas CUC*, 43(1), 83–100. <https://doi.org/10.17981/econcuc.43.1.2022.econ.4>
- 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. <https://doi.org/10.1609/icwsm.v3i1.13937>
- Blondel, V. D., Guillaume, J.-L., Lambiotte, R., & Lefebvre, E. (2008). Fast unfolding of communities in large networks. *Journal of Statistical Mechanics*, 2008(10), P10008. <https://doi.org/10.1088/1742-5468/2008/10/P10008>
- Buitrago, S., Duque, P. L., & Robledo, S. (2019). Branding Corporativo: una revisión bibliográfica. *Económicas CUC*, 41(1). <https://doi.org/10.17981/econcuc.41.1.2020.org.1>
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2018.07.001>
- Calero Medina, 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. <https://doi.org/10.1002/asi.22631>
- 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. <https://doi.org/10.1111/lam.13821>
- Clavijo-Tapia, F. J., Duque-Hurtado, P. L., Arias-Cerquera, G., & Tolosa-Castañeda, M. A. (2021). Organizational communication: a bibliometric analysis from 2005 to 2020. *Clio América*, 15(29), 621–640. <https://doi.org/10.21676/23897848.4311>
- Corrales-Reyes, I. E. (2017). Co-authorship and scientific collaboration networks in Medwave. *Medwave*, 17(9), e7103. <https://doi.org/10.5867/medwave.2017.09.7103>

- 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. <https://doi.org/10.1128/AEM.70.3.1393-1396.2004>
- Cuadrado Cano, B. S., & Vélez Castro, M. T. (2018). *Contaminación microbiana en la industria de los alimentos*. 81–119. <https://repositorio.cecar.edu.co/handle/cecar/2807>
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.jbusres.2020.09.042>
- Dodino-Gutiérrez, C. A., Santiago-Galvis, J. M., Rabelo-Florez, R. A., & Cubillos-Hinojosa, J. G. (2023). Application of molecular techniques in soil microbiology for the identification of bacteria with agricultural potential: a review and bibliometric analysis. *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas*, 17(2), e16096–e16096. <https://doi.org/10.17584/rcch.2023v17i2.16096>
- Duque, P., & Cervantes-Cervantes, L.-S. (2019). Responsabilidad Social Universitaria: una revisión sistemática y análisis bibliométrico. *Estudios Gerenciales*, 451–464. <https://doi.org/10.18046/j.estger.2019.153.3389>
- 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. <https://doi.org/10.5209/reve.75566>
- Duque, P., Trejos, D., Hoyos, O., & Chica Mesa, J. C. (2021). Finanzas corporativas y sostenibilidad: un análisis bibliométrico e identificación de tendencias. *Semestre Económico*, 24(56), 25–51. <https://doi.org/10.22395/seec.v24n56a1>
- 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. <https://doi.org/10.18046/j.estger.2020.157.3890>
- Duque-Hurtado, P., Toro-Cardona, A., Ramírez-Carvajal, D., & Carvajal-Henao, M. E. (2020). Marketing viral: Aplicación y tendencias. *Clío América*, 14(27), 454–468. <https://doi.org/10.21676/23897848.3759>
- 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. <https://doi.org/10.1057/s41270-020-00081-9>
- Fajardo Rico, A. (2019). *Estudio de factibilidad financiera para la creación de una empresa empacadora al vacío de carne bovina madurada en florencia, caquetá*. <https://repositorio.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. <https://doi.org/10.1007/s00217-021-03933-5>
- 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/>
- Freeman, L. C. (1977). A set of measures of centrality based on betweenness. *Sociometry*, 40(1), 35. <https://doi.org/10.2307/3033543>

- González Salas, R., Vidal del Río, M. M., & Monsalve Guamán, A. A. (2023). Diagnóstico y transmisión de la infección alimentaria salmonelosis. *Dilemas Contemporáneos: Educación, Política y Valores*. <https://doi.org/10.46377/dilemas.v2i10.3564>
- 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. <http://revistas.bnjm.cu/index.php/BAI/article/view/115>
- Gurzki, H., & Woisetschläger, D. M. (2017). Mapping the luxury research landscape: A bibliometric citation analysis. *Journal of Business Research*, 77, 147–166. <https://doi.org/10.1016/j.jbusres.2016.11.009>
- 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. <https://doi.org/10.1073/pnas.0507655102>
- 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. <https://doi.org/10.1128/JCM.38.9.3429-3435.2000>
- 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. <https://doi.org/10.1128/JCM.42.5.1863-1868.2004>
- Hoorfar, Jeffrey, 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. <https://doi.org/10.1128/JCM.41.12.5835.2003>
- 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. <https://doi.org/10.21521/mw.6533>
- Jaroenporn, C., Supawasit, W., Bundidamorn, D., Udompijitkul, 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. <https://doi.org/10.1002/9781118992685.ch2>
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2018.06.031>
- 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. <https://doi.org/10.21500/19002386.4230>
- 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. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.604933>

- 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. <https://doi.org/10.1155/2018/6104015>
- 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. <https://doi.org/10.5377/alerta.v1i2.7134>
- 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. <https://doi.org/10.1128/AEM.70.12.7046-7052.2004>
- 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. [https://doi.org/10.1016/s0168-1605\(02\)00322-7](https://doi.org/10.1016/s0168-1605(02)00322-7)
- 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. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0187-358X2007000200006&lng=es&nrm=iso&tlng=es
- Orùs, A. (2024). *Carne: consumo mundial por tipo 1990-2023*. Statista. <https://es.statista.com/estadisticas/1330024/consumo-de-carne-a-nivel-mundial-por-tipo/>
- 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. <https://doi.org/10.1007/s00217-020-03531-x>
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.mcp.2004.07.001>
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2016.08.015>
- 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. <https://doi.org/10.1007/s10479-021-04107-y>
- 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. [https://doi.org/10.1016/0890-8508\(92\)90002-f](https://doi.org/10.1016/0890-8508(92)90002-f)
- Ramos-Enríquez, V., Duque, P., & Vieira Salazar, J. A. (2021). Responsabilidad Social Corporativa y Emprendimiento: evolución y tendencias de investigación. *Desarrollo Gerencial*, 13(1), 1–34. <https://doi.org/10.17081/dege.13.1.4210>

- Robledo, S., Osorio, G., & Lopez, C. (2014). Centro de Investigación de la Universidad Distrital Francisco José de Caldas. *Revista Vínculos*, 11(2), 6–16. <https://doi.org/10.14483/2322939X.9664>
- 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
- 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. [https://doi.org/10.1016/0168-1605\(92\)90017-w](https://doi.org/10.1016/0168-1605(92)90017-w)
- 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. <https://doi.org/10.1108/aaaj-10-2020-4987>
- 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. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2672.1999.00488.x>
- 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. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109417>
- Sustacha, I., Department of Applied Economics, University of Oviedo. Sistema de Información Turística de Asturias (SITA). Jovellanos Faculty of Commerce, Tourism and Social Sciences. C/ Luis Moya Blanco 261, 33203 Gijón, Spain - sustachaines@uniovi.es, Baños Pino, J. F., del Valle, E., Department of Economics, University of Oviedo. Avenida del Cristo s/n, 33006 Oviedo, Spain - jbanos@uniovi.es, & Department of Business Administration, University of Oviedo. C/ Luis Moya Blanco 261, 33203 Gijón, Spain - valleeduardo@uniovi.es. (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. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2020.1875-1883>
- 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. <https://doi.org/10.3390/joitmc4030038>
- Tobing, E. C. L., & Arianto, I. D. (2022). Analisis Jaringan Komunikasi German Digital #PERCUMALAPORPOLISI di Twitter. *Jurnal Nomosleca*, 8(2), 146–159. <https://doi.org/10.26905/nomosleca.v8i2.7677>
- Torres, G., Robledo, S., & Rojas Berrío, S. (2022). Market orientation: importance, evolution, and emerging approaches using scientometric analysis. *Criterio Libre*, 19(35), 326–340. <https://doi.org/10.18041/1900-0642/criteriolibre.2021v19n35.8371>
- Trejos-Salazar, D. F., Duque-Hurtado, P. L., Montoya-Restrepo, L. A., & Montoya-Restrepo, I. A. (2021). Neuroeconomía: una revisión basada en técnicas de mapeo científico.

- Revista de Investigación Desarrollo e Innovación*, 11(2), 243–260. <https://doi.org/10.19053/20278306.v11.n2.2021.12754>
- 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>
- Vera-Baceta, M.-A., Thelwall, M., & Kousha, K. (2019). Web of Science and Scopus language coverage. *Scientometrics*, 121(3), 1803–1813. <https://doi.org/10.1007/s11192-019-03264-z>
- Wallis, W. D. (2007). *A beginner's guide to graph theory* (2nd ed.) [PDF]. Birkhauser Boston. <https://doi.org/10.1007/978-0-8176-4580-9>
- 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. [https://doi.org/10.1016/s0378-1135\(02\)00160-8](https://doi.org/10.1016/s0378-1135(02)00160-8)
- Wilson, I. G. (1997). Inhibition and facilitation of nucleic acid amplification. *Applied and Environmental Microbiology*, 63(10), 3741–3751. <https://doi.org/10.1128/aem.63.10.3741-3751.1997>
- Yang, S., Zheng, L., & Keller, F. B. (2016). *Social Network Analysis: Methods and Examples*. Sage Publications, Incorporated. https://books.google.com/books/about/Social_Network_Analysis.html?hl=&id=2PUHogEACAAJ
- 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), Bankog, 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. <https://doi.org/10.1007/s11192-020-03387-8>
- Zupic, I., & Čater, T. (2015). Bibliometric methods in management and organization. *Organizational Research Methods*, 18(3), 429–472. <https://doi.org/10.1177/1094428114562629>
- Zuschke, N. (2020). An analysis of process-tracing research on consumer decision-making. *Journal of Business Research*, 111, 305–320. <https://doi.org/10.1016/j.jbusres.2019.01.028>