



Abanico Veterinario. Enero-Diciembre 2022; 12:1-11. <http://dx.doi.org/10.21929/abavet2022.28>

Artículo Original. Recibido: 20/12/2021. Aceptado:24/09/2022. Publicado: 24/10/2022. Clave: e2021-87.

<https://www.youtube.com/watch?v=3e06v5chrV8>

## Similitud genética de serovares de *Salmonella* aisladas de granjas de cerdos en Sinaloa, México

Genetic similarity of *Salmonella* serovars isolated from pig farms in Sinaloa, Mexico



Garfio-Romero Alberto<sup>1</sup> ID, Silva-Hidalgo Gabriela<sup>1</sup> ID, Rendón-Maldonado José<sup>2</sup> ID, Simental Lourdes<sup>3</sup> ID, Beltrán-Fernández Saúl<sup>4</sup> ID, Romo-Rubio Javier<sup>\*5</sup> ID

<sup>1</sup>Laboratorio de Patología, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma de Sinaloa, Boulevard San Ángel S/N, Fracc. San Benito, 80246 Culiacán, Sinaloa. México. <sup>2</sup>Laboratorio de Microscopía Electrónica, Facultad de Ciencias Químico-Biológicas, Universidad Autónoma de Sinaloa, Ciudad Universitaria 80040, Culiacán, Sinaloa, México. <sup>3</sup>Inoquotech SA de CV, Federalismo 44911-5 Residencial Palmillas 80150 Culiacán, Sinaloa INO 181005BZ3. <sup>4</sup>Centro de Investigación Epidemiológica de Sinaloa del Hospital General de Culiacán “Bernardo J. Gastélum”, Juan Aldama S/N esq. Estado de Nayarit, Colonia Rosales, Culiacán, Sinaloa, C.P 80230. <sup>5</sup>Universidad Politécnica del Mar y la Sierra, La Cruz, Elota, Sinaloa, México y Granja porcina “La Huerta”, Sindicatura de Culiacancito, Municipio de Culiacán Rosales, Sinaloa. \*Autor para correspondencia: Javier Romo-Rubio, Boulevard San Ángel S/N, Fracc. San Benito, 80246 Culiacán, Sinaloa. México. E-mail: alberto.garfio@uas.edu.mx, gabsilhid@uas.edu.mx, jgrendonm@uas.edu.mx, lourdessimental@inoquotech.com, beltransaul1968@gmail.com, romo60@uas.edu.mx

### RESUMEN

*Salmonella* es un patógeno importante como agente causal de enfermedades gastroentéricas por consumo de alimentos contaminados. Para determinar la similitud genética de serovares de *Salmonella*, 340 muestras de heces y tejido del íleon fueron tomadas de cerdos de diferentes edades y etapas fisiológicas de dos granjas ubicadas en la zona centro del Estado de Sinaloa; las muestras del íleon fueron tomadas en rastro TIF. La similitud genética de los serovares se realizó mediante digestión con la enzima de restricción *Xba*I y electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE). En 32 de las muestras analizadas se aisló *Salmonella* y los serovares *Anatum*, *Seftenberg*, *Untipable*, *Javiana*, *Tokoin*, *Newport*, *Typhimurium*, *Weltevreden*, *Serrakunda*, *Muenchen*, Grupo C2, Grupo E1 (E2-E4), Grupo E1, Grupo C1 y Grupo F. El serovar *Anatum*, que se aisló con mayor frecuencia, tuvo una similitud genética de 87.5 – 100%, el Grupo E1 del 87.5 -100%, *Serrekunda* del 88.9 -100%, *Muenchen* del 100%, *Senftenberg* 96.6% y *Newport* 75.9%; éstos presentaron un coeficiente de Jaccard mayor a 0.75 en el análisis de PFGE, por lo que se consideraron clonas bacterianas. En conclusión, el porcentaje de similitud genética observado fue alto, lo que indica una posible fuente de contaminación cruzada en las unidades de producción porcina analizadas. **Palabras clave:** *Anatum*, cerdos, PFGE, *Salmonella*, serovares.

### ABSTRACT

*Salmonella* is an important pathogen as a causative agent of gastroenteric diseases by consumption of contaminated food. To determine the genetic similarity of *Salmonella* serovars, 340 samples of feces and ileum tissue were collected from pigs of different ages and physiological stages from two farms located in the central zone of the of State of Sinaloa; ileum samples were collected from FIT slaughterhouses. Gene similarity of serovars was performed by digestion with the restriction enzyme *Xba*I and pulsed field gel



electrophoresis (PFGE). *Salmonella* and serovars *Anatum*, *Seftenberg*, *Untipable*, *Javiana*, *Tokoin*, *Newport*, *Typhimurium*, *Weltevreden*, *Serrakunda*, *Muenchen*, Group C2, Group E1 (E2-E4), Group E1, Group C1 and Group F were isolated from 32 of the samples analyzed. The most frequently isolated serovar *Anatum* had a genetic similarity of 87.5 - 100%, Group E1 87.5 -100%, *Serrekunda* 88.9 -100%, *Muenchen* 100%, *Senftenberg* 96.6% and *Newport* 75.9%; these had a Jaccard coefficient greater than 0.75 in the PFGE analysis and were therefore considered bacterial clones. In conclusion, the percentage of genetic similarity observed was high, indicating a possible source of cross-contamination in the swine production units analyzed.

**Keywords:** *Anatum*, pigs, PFGE, *Salmonella*, serovars.

## INTRODUCCIÓN

*Salmonella* no tifoidea se considera un problema de salud pública importante, la creciente relevancia de los cerdos como reservorios de *Salmonella* spp. ha llevado a varios países a establecer programas de vigilancia y control para combatir la infección y reducir los riesgos para la salud pública (Villalpando *et al.*, 2017). Hasta el momento se conocen alrededor de 2600 serovares de esta bacteria y éstos suelen encontrarse a nivel de tracto gastrointestinal en especies animales tanto domésticas como silvestres e incluso en el ser humano (Herikstad *et al.*, 2002). Los cerdos suelen ser portadores asintomáticos, que excretan el patógeno de forma intermitente o cuando están estresados (Simons *et al.*, 2015). Los brotes de salmonelosis asociados con el consumo de carne de cerdo han colocado a este animal y sus productos como la segunda fuente más importante de infección humana (Pires *et al.*, 2011; Santana *et al.*, 2020).

La electroforesis en campo pulsado (PFGE, por sus siglas en inglés) ha demostrado ser una técnica altamente discriminatoria y es utilizada con frecuencia en estudios epidemiológicos de brotes causados por microorganismos como *Salmonella* spp. (Pires *et al.*, 2014). La PFGE ha sido útil y precisa para rastrear fuentes de contaminación, permitiendo la identificación de la persistencia, contaminación cruzada y distribución de *Salmonella* en la producción porcina y el procesamiento de carne de cerdo (Magistrali *et al.*, 2008; De Busser *et al.*, 2011; Kich *et al.*, 2011; Gomes *et al.*, 2012; Villalpando *et al.*, 2017). Varios protocolos de PFGE están estandarizados para patógenos bacterianos transmitidos por los alimentos, mismos que forman parte de la red nacional de vigilancia de enfermedades transmitidas por alimentos en los Estados Unidos (Swaminathan *et al.*, 2001). La enzima, *Xba*I, seguida de *Ap*aI ofrecen los mejores resultados para diferenciar los aislamientos, agrupándolos por linajes y mostrando variaciones intraserotipo. Los resultados de estos análisis, en varios países de América Latina, se analizan utilizando PulseNet; esto asegura la comparación de patrones PFGE en condiciones equivalentes (Cardozo *et al.*, 2012). Los serovares *S. Derby* y *S. Typhimurium* se han aislado con mayor frecuencia en cerdos de América del Norte, Europa, Asia y Oceanía; en África *S. Hadar* y en América Latina *S. Meleagridis*, *S. Anatum* y *S. Agona* (Dos Santos *et al.*, 2019). En un estudio realizado en Brasil se sugirió que *S. Typhimurium* y su variante



monofásica 4, 5, 12: i: presentaban perfiles genéticos idénticos al hacer la determinación de similitud genética por PFGE (Dos Santos *et al.*, 2019); siendo, además, el serovar con mayor prevalencia en diferentes áreas de la granja. En México, la serotipificación de 358 cepas de *Salmonella enterica* aisladas de carne molida de cerdo, pollo y res, arrojó que los serotipos más frecuentes son *S. Anatum*, *S. Newport* y *S. Typhimurium* (Villalpando *et al.*, 2017).

El objetivo del estudio fue determinar la similitud genética de serovares de *Salmonella*, aislados de muestras de heces colectadas en dos granjas de ciclo completo ubicadas en la zona centro del Estado de Sinaloa y de muestras de íleon tomadas en un rastro tipo inspección federal (TIF).

## MATERIAL Y MÉTODOS

### Recolección de muestras y aislamiento de *Salmonella*

Las muestras de heces fueron tomadas en la granja porcina “La Huerta” y la granja porcina “Recoveco”, ubicadas en la sindicatura de Culiacancito, Municipio de Culiacán Rosales, y en el pueblo de Recoveco, Municipio de Mocorito, Sinaloa, respectivamente. Se recolectaron aproximadamente 40 g de materia fecal de cerdas en el área de gestación; posteriormente (10 días después), se recolectó materia fecal de las mismas cerdas en el área de maternidad, así como de sus crías (lechones). A la misma cohorte de cerdos se le tomó muestras de heces durante su permanencia en el área de iniciación y en el área de engorda. Además, se recolectaron muestras de fauna nociva (materia fecal de roedores y cucarachas), agua de charcas de enfriamiento y agua de desecho, después del lavado de corraletas. También se recolectaron muestras fecales obtenidas del remolque durante el transporte al rastro y antes del sacrificio (muestras fecales obtenidas de corral de descanso). Durante el proceso de sacrificio en el Rastro Tipo Inspección Federal (TIF 99. FAPSA y asociados S. A de C.V., Carretera Culiacán - El Dorado, km 12.5), se recolectaron aproximadamente 100 g de tejido de intestino delgado de la porción del íleon. Las muestras fueron depositadas en recipientes estériles, previamente etiquetados.

Las muestras fueron procesadas en el Laboratorio de Patología de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Autónoma de Sinaloa. Para el aislamiento de *Salmonella*, se pesó 1 g de materia fecal y de tejido intestinal, incubándose para el pre-enriquecimiento durante 48 h a 37°C en Caldo de Tetrionato (Difco<sup>MR</sup>). Posteriormente, se inocularon 100 µl de caldo tetrionato en caldo Rappaport Vassiliadis (Difco<sup>MR</sup>) para enriquecimiento selectivo y se incubaron durante 24 h a 42°C. Finalmente, se inocularon las muestras en agar Xilosa Lisina Tergitol-4 (XLT4 Difco<sup>MR</sup>), seguido de un período de incubación de 24 h a 37°C.



## Extracción de ADN para análisis de similitud génica

La preparación de las muestras se realizó a partir de cultivos frescos en agar soya tripticaseína (Difco<sup>MR</sup>) incubados a 37°C por 24h; posteriormente, se mezclaron colonias bacterianas en 2 mL de buffer de suspensión celular hasta lograr una densidad óptica de 0.52. Se mantuvo la temperatura a -20°C, se le añadió 20 µl de proteinasa K y se incubó a 42°C en baño maría por 10 minutos. A la par se preparó agarosa certificada al 1% y se mezclaron 400 µl de agarosa con 400 µl de la suspensión celular con proteinasa K; después se depositó la suspensión en moldes para plugs, por triplicado, hasta que polimerizó. Cada triplicado de plugs se depositó en tubos falcon con 5 mL de buffer de lisis celular y 50 µl de proteinasa K, incubándose durante 18 horas a 54°C. Posteriormente, se lavaron los plugs con agua estéril y buffer tris -ácido etilendiaminotetraacético (TE)- y, finalmente, los plugs se almacenaron en viales de polipropileno previamente rotulados con 5 mL de buffer TE.

## Análisis de similitud génica

La similitud génica de los serovares se realizó mediante digestión de la enzima de restricción *Xba*I y electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE), utilizando el sistema CHEF-DR III BIORAD en el Centro de Investigaciones Epidemiológicas de Sinaloa (Culiacán, Sinaloa, México), certificado por la Organización Mundial de la Salud y la Red Mundial de Infecciones Transmitidas por Alimentos. Las condiciones de corrida electroforética utilizadas fueron: voltaje a 6 V/cm, ángulo 120°, tiempo de pulso inicial 2.2 segundos, tiempo de pulso final 63.8 segundos, miliamperio (mA) inicial 132, temperatura 14°C durante 19 h. Después de la electroforesis, el gel se tiñó con bromuro de etidio y se capturaron las imágenes de los geles con un fotodocumentador Alpha imagen. El análisis de los geles se realizó mediante el programa GelCompar II en el Instituto Nacional de Salud Pública (INSP). A los aislamientos se les asignó un tipo de PFGE diferente cuando se detectó diferencia genética. El análisis de conglomerados se realizó mediante el coeficiente de Jaccard y el método de grupos de pares no ponderados con promedios aritméticos.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se procesaron 340 muestras de cerdos sin semiología digestiva compatible con salmonelosis. En 32 de las muestras tomadas se aisló *Salmonella* y se identificaron los siguientes serovares: *S. Anatum*, *S. Seftenberg*, *S. Untipable*, *S. Javiana*, *S. Tokoin*, *S. Newport*, *S. Typhimurium*, *S. Weltevreden*, *S. Serrakunda*, *S. Muenchen*, S. Grupo C2, S. Grupo E1 (E2-E4), S. Grupo E1, S. Grupo C1, S. Grupo F. (Tabla 1).

Se identificó similitud génica de serovares de *Salmonella* aislados de muestras de heces en las diferentes áreas productivas, de ambas granjas y en distintos tiempos de muestreo. Los serovares de *S. Anatum*, aislados de heces de cerdo en el área de engorda y de tejido (íleon), tienen una similitud génica del 100%; los serovares de *S. Anatum* aislados



de heces de lechones y ratas, tomadas en el área de maternidad, tejido (íleon) y heces de cerdos obtenidas del pasillo de traslado, tuvieron una similitud de 96.3 a 97%. Los serovares *S. Anatum*, aislados de heces de cerdos del área de gestación y agua de desecho obtenida de la fosa común en la granja “Recoveco”, tuvieron una similitud génica de 86.7%. Cinco serovares del S. Grupo E1, dos serovares *S. Newport*, dos serovares *S. Seftenberg* y dos serovares *S. Serrakuda*, mostraron una similitud génica y un índice de Jaccard mayor de 0.75. *S. Muenchen* compartió una similitud génica del 100% con el serovar del S. Grupo C2, mientras que el serovar *S. Tokoin* tuvo una similitud génica de 97% con *Salmonella* del S. Grupo C1; el resto de los serovares analizados mostraron una similitud génica menor al 75% (Figura 1).

[Hung-Chih et al. \(2014\)](#) informaron de 12 serovares; de los cuales, los cinco más comunes fueron *S. Typhimurium*, *S. Choleraesuis*, *S. Derby*, *S. Livingstone* var. 14+ y *S. Schwarzengrund*, que representaron el 84% de los aislamientos en todos los cerdos; de éstos, el 44% tenían patrones de PFGE estrechamente relacionados con aislamientos en humanos. En el presente estudio, el serovar con mayor frecuencia de aislamiento fue *S. Anatum*, con una similitud genética entre ellos del 86 y 100%. [Dos Santos et al. \(2019\)](#), en un estudio realizado en el sur de Brasil, identificaron *S. Typhimurium* en muestras de heces colectadas de diferentes áreas productivas dentro de la granja y en diferentes granjas, con perfiles electroforéticos idénticos (100% de similitud); estos resultados concuerdan con los obtenidos, en los cuales se obtuvieron perfiles con alta similitud genética, que rebasa el coeficiente de Jaccard de 0.75.

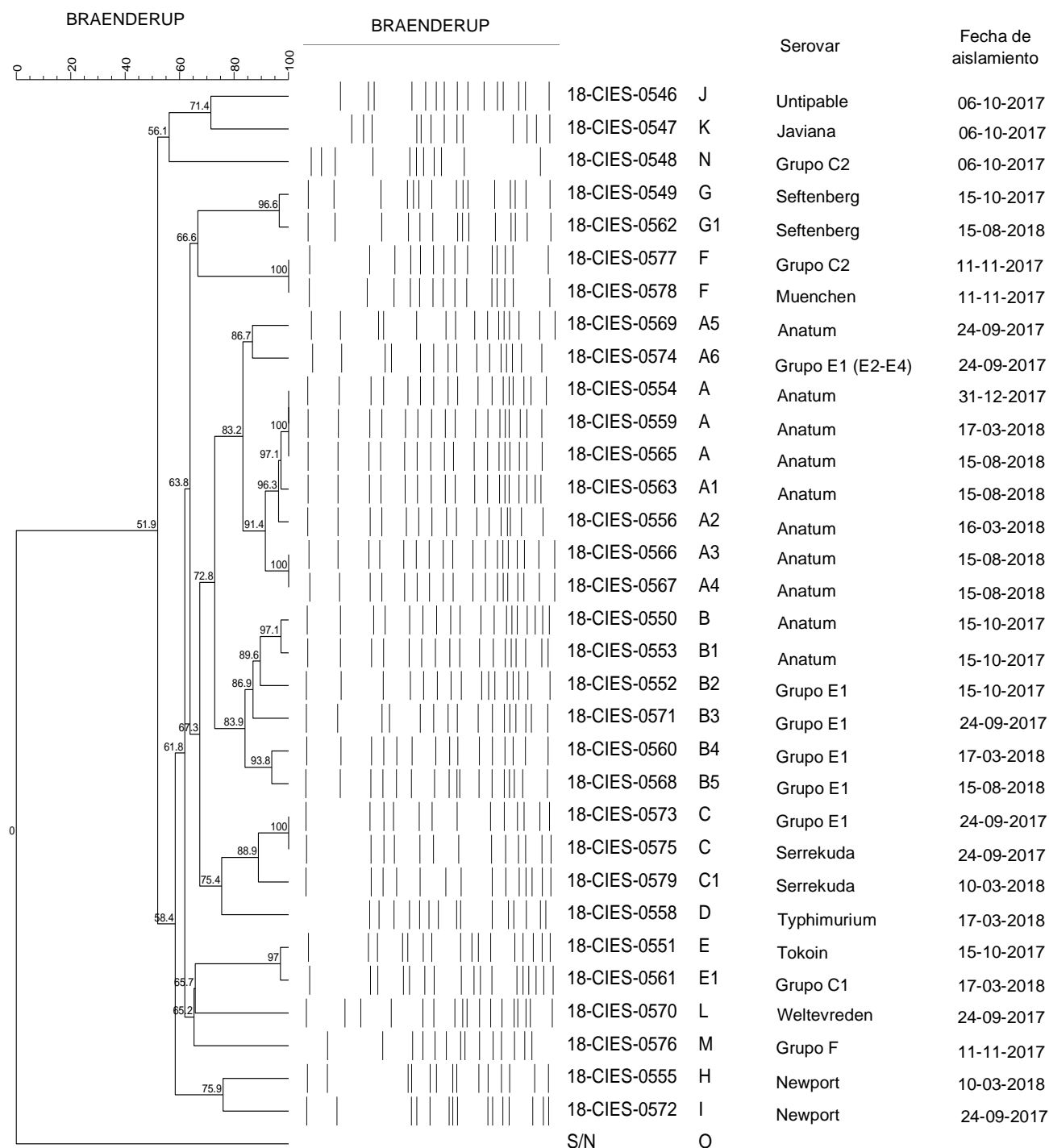
En el caso particular del serovar *S. Anatum*, aislado con mayor frecuencia tanto en muestras de heces como de tejido intestinal de la región del Íleon, se observó una similitud genética 86.7 – 100%. En el resto de los serovares analizados la similitud genética también fue alta: S. Grupo E1: E2-E4 y S. Grupo E1, con similitud entre el 87.5 -100%, *S. Serrekunda* entre 88.9 -100%, *S. Muenchen* y S. Grupo C2 del 100%, *S. Seftenberg* del 96.6% y *S. Newport* del 75.9%; por lo que pueden considerarse idénticos. Lo anterior, podría indicar una posible contaminación cruzada o contaminación a partir de la misma fuente dentro de la granja. La contaminación cruzada en el interior de las granjas representa un desafío en el control y erradicación de la bacteria. Esto podría potenciar la dispersión dentro de la granja poniendo en riesgo la salud de los animales y por tratarse de una enfermedad zoonótica, se pone en riesgo, también, la salud humana a través del consumo de productos de origen animal contaminados.



**Tabla 1. Frecuencia de serovares de *Salmonella* y fuentes de aislamiento**

Serovar	Área de aislamiento	Porcentaje de aislamiento (%)
<i>Anatum</i>	Maternidad (heces de lechones)	
	Heces de roedores	31.3
	Engorda (heces)	
	Íleon	
<i>Seftenberg</i>	Maternidad (heces)	6.3
	Íleon	
<i>Untypable</i>	Gestación (heces)	3.1
<i>Javiana</i>	Gestación (heces)	3.1
<i>Tokoin</i>	Gestación (heces)	3.1
<i>Newport</i>	Destete (heces)	6.3
<i>Typhimurium</i>	Íleon	3.1
<i>Weltevreden</i>	Agua de charca enfriamiento (Gestación)	3.1
<i>Serrakunda</i>	Gestación (heces)	6.3
	Tejido (ombligo de lechón)	
<i>Muenchen</i>	Destete (heces)	3.1
Grupo C2	Maternidad (heces)	6.3
	Cucaracha (área de maternidad)	
Grupo E1 (E2-E4)	Agua de desecho fosa común	3.1
	Maternidad (cucaracha)	
Grupo E1	Gestación (agua de charca)	15.6
	Íleon	
	Maternidad (pool de heces)	
Grupo C1	Íleon	3.1
Grupo F	Destete (heces)	3.1





**Figura 1. Análisis de PFGE**

Los serovares *S. Anatum*, *S. Seftenberg*, *S. Tokoin*, *S. Newport*, *S. Typhimurium*, *S. Serrakunda*, *S. Muenchen*, *S. Grupo E1 (E2-E4)*, *S. Grupo E1* y *S. Grupo C1*, presentaron un coeficiente de Jaccard mayor a 0.75 en el análisis de PFGE, por lo que se consideran clonas bacterianas.



Kureljusic *et al.* (2017) aislaron los serovares *S. Derby*, *S. Infantis* y *S. Typhimurium* de cerdos en el área de sacrificio, observando una similitud génica del 98 - 100 % para *S. Dervi*, siendo además el que se aisló con mayor frecuencia; también indicaron que los serovares *S. Infantis* y *S. Typhimurium* presentaron una alta similitud génica. En la presente investigación el serovar *S. Anatum*, aislado de muestras de íleon obtenidas de la planta de procesamiento del rastro TIF 99, presentó una similitud génica del 95%; también se aislaron los serovares *S. Grupo E1 (E2-E4)*, *S. Grupo E1*, *S. Seftenberg*, *S. Typhimurium* y *S. Grupo C1*. En el caso del serovar *S. Seftenberg*, aislado de muestras de íleon y heces del área de maternidad, se observó una similitud genética del 96.6%; estos resultados son similares a los informados por Santana *et al.* (2020), quienes señalaron una similitud génica para el serovar *S. Seftenberg* aislado de heces de cerdas en el área de gestación, área de lactación y lechones en el área de destete. Los estudios previos indican la presencia de diversos serovares de *Salmonella* en las heces y tejido intestinal, observándose una alta similitud génica, lo que podría indicar contaminación cruzada, lo que es consistente con los resultados obtenidos en el presente estudio. Además de la similitud génica observada en *S. Anatum* se encontró una alta persistencia, ya que se aisló de muestras tomadas en fechas de hasta 10 meses de diferencia; este hallazgo sugiere la persistencia de *Salmonella* en las distintas áreas. Un informe similar, con 150 días de diferencia entre muestreos, fue observado en el aislamiento del serovar *S. 4, [5], 12: i, S. Rissen* y *S. Derby*, en heces de lechones en una misma granja (Bernad *et al.*, 2021). Al respecto, Casanova *et al.* (2019), indicaron una similitud de PFGE mayor a 90% para los serovares de *S. Rissen*, *S. Brandenburg*, *S. Derby* y observaron patrones de infección a largo plazo (más de 200 días) en lechones. También, informaron una similitud génica en los serovares *S. Derby*, *S. Anatum* y *S. 4, [5], 12: i*, en cerdas de diferentes granjas a partir de muestras de heces colectadas con más de 300 días de diferencia. Los estudios previos son consistentes con los resultados observados en este estudio, indicando que *Salmonella* puede tener una alta persistencia en las unidades de producción porcina.

## CONCLUSIÓN

Los resultados del presente estudio indican que los serovares *S. Anatum*, *S. Seftenberg*, *S. Tokoin*, *S. Newport*, *S. Typhimurium*, *S. Serrakunda*, *S. Muenchen*, *S. Grupo E1 (E2-E4)*, *S. Grupo E1* y *S. Grupo C1* son clonas bacterianas, lo que sugiere una posible fuente de contaminación cruzada, así como una alta persistencia de *Salmonella* en las unidades de producción porcina analizadas.

## LITERATURA CITADA

HERIKSTAD H, Motarjemi Y, Tauxe RV. 2002. *Salmonella* surveillance: a global survey of public health serotyping. *Epidemiol. Infect.* 129(1):1-8. ISSN: 0950-2688.  
<https://doi.org/10.1017/s0950268802006842>





BERNAD-ROCHE M, Casanova-Higes A, Marín-Alcalá CM, Cebollada-Solanas A, and Mainar-Jaime RC. 2021. *Salmonella* Infection in Nursery Piglets and Its Role in the Spread of Salmonellosis to Further Production Periods. *Pathogens*. 10(2):1-14. ISSN: 2076-0817. <https://doi.org/10.3390/pathogens10020123>

CARDOZO-BERNAL AM, Ramón LF, Poutou-Piñales RA, Carrascal-Camacho AK, Zambrano DC. 2012. Electroforesis en Gel de Campo Pulsado (PFGE) para la diferenciación molecular de *Listeria monocytogenes*. *Univ Sci*. 18(2):203-222. ISSN: 0122-7483. <https://doi.org/10.11144/Javeriana.SC18-2.egcp>

CASANOVA-HIGES A, Marín-Alcalá CM, Andrés-Barranco S, Cebollada-Solanas A, Alvarez J and Mainar-Jaime RC. 2019. Weaned piglets: another factor to be considered for the control of *Salmonella* infection in breeding pig farms. *Veterinary Research*. 50(45): 1-11; ISSN: 1297-9716. <https://doi.org/10.1186/s13567-019-0666-7>

DE BUSSER EV, Maes D, Houf K, Dewulf J, Imberechts H, Bertrand S, De Zutter L. 2011. Detection and characterization of *Salmonella* in lairage, on pig carcasses and intestines in five slaughterhouses. *Int. J. Food Microbiol*. 145(1):279–286. ISSN: 0168-1605. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2011.01.009>

DOS SANTOS A, Ferrari RG, Conte-Junior CA. 2019. Virulence Factors in *Salmonella Typhimurium*: The Sagacity of a Bacterium. *Current microbiology*. 76(6):762–773. ISSN: 0343-8651. <https://doi.org/10.1007/s00284-018-1510-4>

DOS SANTOS BL, Quintana CV, Viana C, Konrad BRC, Camargo CA, Paes de Almeida NPJ, Nero LA, Destro MT. 2019. Prevalence, Antimicrobial Resistance, and Diversity of *Salmonella* along the Pig Production Chain in Southern Brazil. *J pathogens (Basel, Switzerland)*. 8(4):1-10. ISSN: 2076-0817. <https://doi.org/10.3390/pathogens8040204>

GOMES-NEVES E, Antunes P, Tavares A, Themudo P, Cardoso MF, Gärtner F, Costa JM, Peixe L. 2012. *Salmonella* cross-contamination in swine abattoirs in Portugal: Carcasses, meat and meat handlers. *Int. J. Food Microbiol*. 157(1):82–87. ISSN: 0168-1605. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.04.015>

HUNG-CHIH K, Tsai-Ling L, Dan-Yuan L, Chiou-Lin C, Pei-Chen C, Shiu-Yun L, Jung-Che K, Ying-Shu L, Chun-Hsing L, Chi-Sen T, Chien-Shun C. 2014. An Association of Genotypes and Antimicrobial Resistance Patterns among *Salmonella* Isolates from Pigs and Humans in Taiwan. *Plos One*. 9(4):e95772. ISSN: 1932-6203. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0095772>



KICH JD, Coldebella A, Morés N, Nogueira MG, Cardoso M, Fratamico PM, Call JE, Fedorka-Cray P, Luchansky JB. 2011. Prevalence, distribution, and molecular characterization of *Salmonella* recovered from swine finishing herds and a slaughter facility in Santa Catarina, Brazil. *Int. J. Food Microbiol.* 151(3):307- 313. ISSN: 0168-1605. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2011.09.024>

KURELJUSIC JM, Dmitrić MP, Vidanović DS, Teodorović VB, Kureljušić, BI, Velhner MJ, Karabasil NR. 2017. Prevalence of *Salmonella enterica* in slaughtered pigs in Serbia: Serotyping, PFGE-genotyping and antimicrobial resistance. *Journal of infection in developing countries.* 11(8): 640-645. ISSN: 1972-2680. <https://doi.org/10.3855/jidc.9311>

MAGISTRALI C, Dionisi AM, De Curtis P, Cucco L, Vischi O, Scuota S, Zicavo A, Pezzotti G. 2008. Contamination of *Salmonella* spp. in a pig finishing herd, from the arrival of the animals to the slaughterhouse. *Res. Vet. Sci.* 85(2):204-207. ISSN: 0034-5288. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2007.12.002>

PIRES SM, Vieira AR, Hald T, Cole D. 2014. Source attribution of human salmonellosis: an overview of methods and estimates. *Foodborne Pathog.* 11(9):667-676. ISSN: 1535-3141. <https://doi.org/10.1089/fpd.2014.1744>

PIRES SM, de Knecht L, Hald T. 2011. Estimation of the relative contribution of different food and animal sources to human *Salmonella* infections in the European Union. *EFSA Supporting.* 8(8):184E. ISSN:1831-4732. <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2011.EN-184>

SANTANA AM, da Silva DG, Maluta RP, Pizauro L, Simplício K, Santana CH, Rodrigues S, Rodrigues D, Fagliari JJ. 2020. Comparative Analysis Using Pulsed-Field Gel Electrophoresis Highlights a Potential Transmission of *Salmonella* Between Asymptomatic Buffaloes and Pigs in a Single Farm. *Frontiers in veterinary science.* 7:2-7. ISSN: 2297-1769. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.552413>

SIMONS RRL, Hill AA, Swart A, Kelly L, Snary EL A. 2015. Transport and lairage model for *Salmonella* transmission between pigs applicable to EU member States. *Risk Anal.* 36(3):482-497. ISSN:1539-6924. <https://doi.org/10.1111/risa.12390>

SWAMINATHAN B, Barrett TJ, Hunter SB, Tauxe RV. 2001. PulseNet: the molecular subtyping network for foodborne bacterial disease surveillance, United States. *Emerg Infect Dis.* 7(3):382-389. ISSN: 1080-6059. <https://doi.org/10.3201/eid0703.010303>



VILLALPANDO-GUZMÁN S, Vázquez-Quiñones CR, Natividad-Bonifacio I, Curiel-Quesada E, Quiñones-Ramírez EI, Vázquez-Salinas C. 2017. Frecuencia, susceptibilidad antimicrobiana y patrón de adherencia de *Salmonella enterica* aislada de carne de pollo, res y cerdo de la Ciudad de México. *Rev Chilena Infectol.* 34(5):458-466. ISSN: 0716-1018. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182017000500458>

[Errata Erratum](#)

<https://abanicoacademico.mx/revistasabanico-version-nueva/index.php/abanico-veterinario/errata>