



Abanico Veterinario. Enero-Diciembre 2023; 13:1-10. <http://dx.doi.org/10.21929/abavet2023.6>
Estudio de Caso. Recibido: 01/08/2022. Aceptado:28/02/2023. Publicado: 28/04/2023. Clave: e2022-57.
<https://www.youtube.com/watch?v=DIZAWIMFh80>

Frecuencia de *Campylobacter fetus* en bovinos sementales en la zona centro de Tamaulipas México

Frequency of *Campylobacter fetus* in bulls in the central zone of Tamaulipas Mexico



Sauceda-Becerra Raúl ^{ID}, Lucero-García Faustino ^{ID}, Alva-Pérez Jorge ^{ID}, Vázquez-Villanueva José ^{ID}, Leyva-Zapata Luis ^{ID}, Barrios-García Hugo* ^{ID}

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia “Dr. Norberto Treviño Zapata”. Universidad Autónoma de Tamaulipas. Ciudad Victoria, Tamaulipas, México. Autor responsable y de correspondencia: Hugo B. Barrios-García. Carretera Victoria-Mante km 5. CP. 87000, Ciudad Victoria, Tamaulipas, México. E-mail: raul.sauceda@uat.edu.mx, lugafaus.28@gmail.com, jalva@docentes.uat.edu.mx, jvazquez@docentes.uat.edu.mx, lmleyva@docentes.uat.edu.mx, hbarrios@docentes.uat.edu.mx

RESUMEN

La Campilobacteriosis Genital Bovina (CGB) es una enfermedad infecto contagiosa que afecta al ganado bovino. La enfermedad es considerada de reporte obligatorio y está incluida en la lista B de enfermedades de los animales terrestres según la Organización Mundial de Salud Animal (OMSA). En rumiantes *Campylobacter fetus* subsp. *fetus* se ha demostrado que afecta el sistema entérico, especialmente el intestino y es una de las principales causas de infertilidad y aborto en bovinos, ovinos y caprinos. Se ha reportado en varios países del mundo. En México poco se ha estudiado la presencia de este patógeno; en este estudio se comprobó la existencia de *Campylobacter fetus* subsp. *veneralis* en toros de la zona centro de Tamaulipas México por la técnica de PCR y secuenciación del producto amplificado, por lo que representa el primer reporte de este patógeno por métodos moleculares en este país.

Palabras claves: *Campylobacter fetus veneralis*, toros, semen, lavado prepucial, México.

ABSTRACT

Bovine Genital Campylobacteriosis (CGB) is a contagious infectious disease that affects cattle. The disease is considered obligatory reporting and it is included in list B of terrestrial animal diseases according to the World Organization for Animal Health (WHO). In ruminants, Cff has been shown to affect the enteric system, especially the intestine, and it is one of the main causes of infertility and abortion in cattle, sheep and goats. It has been reported in several countries around the world. In Mexico, the presence of this pathogen has not been studied, so the objective of this research was to detect CFv by the PCR technique, and to perform its genetic characterization in bulls from the central area of Tamaulipas, Mexico. This is the first report of this pathogen by molecular methods in this country.

Keywords: *Campylobacter fetus veneralis*, bulls, sperm, preputial lavage, Mexico.

INTRODUCCIÓN

La Campilobacteriosis Genital Bovina (CGB) es una enfermedad infecto contagiosa que afecta al ganado bovino. El género *Campylobacter* es el responsable de esta enfermedad. Son bacterias Gram negativas, de forma espiral, y móviles. Actualmente se



reconocen 32 especies de *Campylobacter* (Chukwu *et al.*, 2019) de los cuales *Campylobacter fetus* subsp. *fetus* (Cff) y *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* (Cfv) afectan el sistema reproductivo de los bovinos (Chiapparrone *et al.*, 2014). La enfermedad es considerada de reporte obligatorio, incluida en la Lista B de las enfermedades de los animales terrestres según la Organización Mundial de Salud Animal (OMSA), antes OIE (Tshipamba *et al.*, 2020). En rumiantes Cff se ha demostrado que el patógeno afecta el sistema entérico, especialmente el intestino (Li *et al.*, 2022), por otro lado, los toros con Cfv son reservorio porque las bacterias viven y se adaptan en los quistes prepuciales, mientras que en las vacas las colonizaciones son en vagina, cuello uterino y útero (Cagnoli *et al.*, 2020 y Lúcio *et al.*, 2019) induciendo procesos proinflamatorios (Campos-Múzquez *et al.*, 2021) debido a la internalización en células del epitelio endometrial (Campos-Múzquez *et al.*, 2019) provocando abortos (Clune *et al.*, 2022); *C. fetus* también puede afectar a humanos y se ha reportado induciendo infecciones sistémicas (Adhikari *et al.*, 2022) endocarditis (Lynch *et al.*, 2022) y meningitis (Fernández *et al.*, 2022). El aislamiento bacteriológico y la utilización de pruebas bioquímicas juegan un papel importante para la identificación de *C. fetus* y la diferenciación entre Cff y Cfv, ya que se consideran el estándar de oro, sin embargo, la implementación de estas técnicas de cultivo es difícil, ya que *Campylobacter* requiere condiciones de cultivo *in vitro* más exigentes que otros géneros bacterianos, además, el cultivo es pobre en confiabilidad y reproducibilidad (Iraola *et al.*, 2016). Para la identificación de Cfv se pueden utilizar diferentes métodos, como la reacción de antígeno-anticuerpos como Inmunoensayos Ligados a Enzimas (ELISA), Inmunofluorescencia Directa (ID) (Dorsch *et al.*, 2022) y métodos moleculares como Electroforesis en Gel de Campo Pulsado (EGCP), Polimorfismo de Longitud de Fragmento Amplificado (PLFA), tipificación de secuencias multilocus y Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR). Actualmente las PCR son la prueba con la alternativa más prometedora para detectar de forma eficiente de Cfv a partir de muestras de campo (Chaban *et al.*, 2012). El objetivo de este estudio fue detectar la presencia de *C. fetus* por la prueba de PCR en esmegma de toros utilizados como reproductores de la zona centro del estado de Tamaulipas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Muestreo

Se realizó un muestreo por conveniencia en sementales bovinos mayores de 2 años, de diferentes razas (Charolais, Beefmaster, Brangus rojo, Brahman) en Unidades de Producción Pecuaria (UPP) ubicadas en la zona centro de Tamaulipas, México. Se realizó de agosto a diciembre del 2020. Para la obtención de muestras prepuciales se utilizaron jeringas y cánulas desechables estériles para depositar 60 mL de Solución Ringer (PISA®) en el prepucio de cada semental; después se cerró el orificio prepucial y se realizó un masaje vigoroso durante 5 minutos en todo el prepucio, posteriormente se



obtuvo el contenido del lavado (esmegma) por escurrimiento y se depositó en una bolsa plástica estéril con sellado hermético. Las muestras de semen se obtuvieron mediante electroeyaculación utilizando un equipo marca minitube®, en la estimulación para el eyaculado no se sobrepasó de 20 voltios por animal. Para la colecta del eyaculado se usó un estuche colector el cual sostiene un embudo de látex, en cuyo extremo se colocó un tubo graduado para recibir el semen, este tubo fue identificado antes de ser utilizado. Las muestras se mantuvieron en refrigeración (4°C) durante el transporte y hasta el procesamiento (Silveira *et al.*, 2018).

Aislamiento de ADN

Las muestras colectadas fueron centrifugadas a 604 xG por 5 min. (Centurion Sc limited, UK) en tubos de plástico de 50 ml estériles, posteriormente se descartó el sobrenadante y se reconstituyó el sedimento con 0.2 ml de PBS 1X estéril. Para el aislamiento del ADN genómico, todas las muestras fueron tratadas con un kit comercial DNeasy sangre y tejido (QIAGEN® Alemania), siguiendo las instrucciones del fabricante. Una vez finalizado el proceso de obtención del ADN, los productos genómicos se mantuvieron en congelación (-20 °C) hasta su uso posterior. Para evaluar la purificación del ADN se realizó un estudio por espectrofotometría a razón de 260/280 nanómetros (JENWAY Genova, UK), y se consideraron valores ideales de pureza entre 1.8 a 2.0; las muestras de ADN que se encontraron en el rango fueron sometidas a la amplificación de ADN por PCR.

Amplificación de ADN y electroforesis

Se utilizó un PCR multiplex; los cebadores utilizados fueron nC1165g4F (AGGACACAAATGGTAACTGG) y nC1165g4R (GATTGTATAGCGACTTTGC) para detectar una región del gen *cstA* de *Cfv* con productos de amplificación de 233 pares de bases (pb); los cebadores MG3F (GGTAGCCGCAGCTAAGAT) y MG4R (TAGCTACAATAACGACAAC) detectan la región del gen *virB11 Cff* que amplifica a 764pb (Iraola *et al.*, 2012 y Hum *et al.*, 1997). Como control positivo de la reacción de PCR se utilizó ácido nucleico de una cepa de referencia ATCC de *Cff* 27374, posteriormente al realizar los ensayos de PCR se identificó una muestra (muestra 1) con amplificación sugestiva a *Cfv*. El resultado de amplificación fue secuenciado por el Instituto de Biotecnología de la UNAM. La secuencia se analizó en la base de datos de GenBank, a través de la herramienta en línea BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). La reacción de PCR se realizó en 50 µL, (que contenía 5 µL de Buffer 10 X (Tris-HCl 100 mM pH 8.4, KCl 500 mM, gelatina 10 µg/ml, BSA 1.5 mg/ml, Tritón X 100 al 1% (Biotecmol, BIOTECMOL®, CDMX México), dNTPS 0.2 mM (Invitrogen™, Life technologies; EUA), 25 µM de cada cebador, MgCl₂ 3.0 mM (BIOTECMOL ® CDMX, México), 5 U de ADN polimerasa Taq (Amplificasa® BIOTECMOL, CDMX, México), además de 300 ng de ADN, finalmente se ajustó con agua libre de nucleasas a 50 µL. Las condiciones de ciclado de PCR utilizadas fueron desnaturalización inicial por 7 min a 95 °C seguido de 35 ciclos de desnaturalización



durante 30 seg a 94 °C, alineación 30 seg a 53 °C; y extensión por 1 min a 72 °C, y una extensión final de 2 min a 72 °C (Iraola *et al.*, 2012). Los productos finales se analizaron por electroforesis en gel de agarosa al 3%, y luego se tiñeron con bromuro de etidio (promega) a una concentración de 0.5 µg/mL durante 30 min. Para la visualización e identificación de los productos de PCR se utilizó un transiluminador UV y se fotodocumentó en el sistema de formación de imágenes E-gel. Los productos de PCR se purificaron con el kit comercial PureLink™ PCR Purification Kit (Invitrogen, Carlsbad, EE. UU.). Algunos productos de PCR fueron secuenciados en el Instituto de Biotecnología UNAM, Ciudad de México, México. Los resultados de la secuenciación se analizaron en el BLASTn. Para la comparación de secuencias se utilizó la base de datos NCBI/GenBank (Altschul *et al.*, 2012).

RESULTADOS

Se muestrearon 38 toros; se obtuvo una muestra de cada uno; 31 de lavado prepucial y 7 de semen. El 18.4% fueron muestras positivas (7/38) (Figura 1), de éstas, dos fueron de semen y cinco de lavado prepucial. De las 7 muestras positivas, 5 productos de PCR se sometieron a secuenciación. Todas las secuencias se compararon considerando la bacteria con número de acceso JF901335.1 en el Genbank.

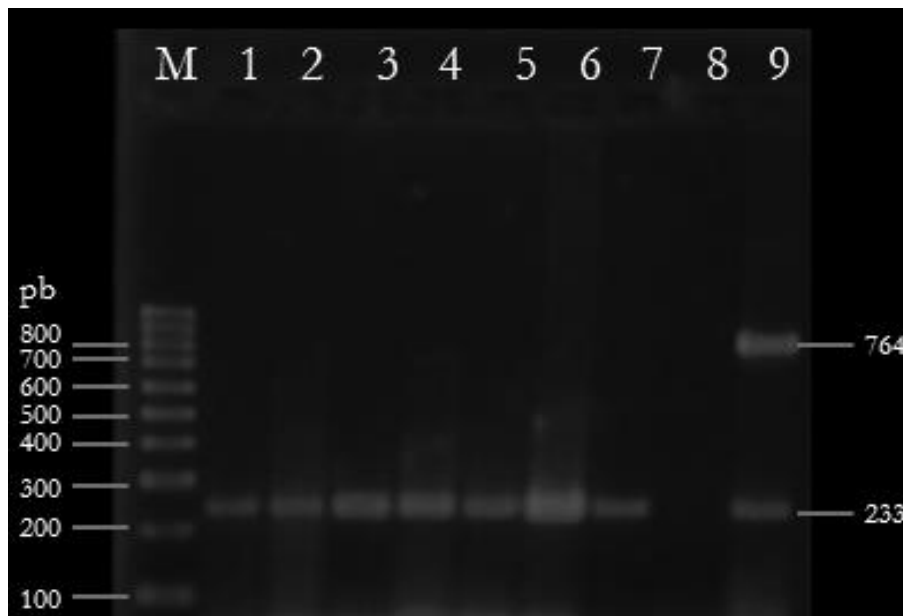


Figura 1. Gel de agarosa al 2.5% con los productos de PCR. Carril M: 100 mpb (BIOLINE, USA); carriles 1-9: *Cfv* positivos; carril 8: control negativo; carril 9: control positivo *Cff* 764 pb y *Cfv* 233 pb.

Las secuencias de nucleótidos de los amplicones obtenidos de muestras de campo por PCR fueron idénticas a las encontradas en la base de datos GenBank. El análisis mostró



entre 99,17 y 97,87% de identidad con otras *Cfv* (Fig. 2). Estos resultados demostraron que *Cfv* está presente en hatos de la zona centro de Tamaulipas, y que *Cfv* juega un papel importante en la salud reproductiva del ganado bovino.

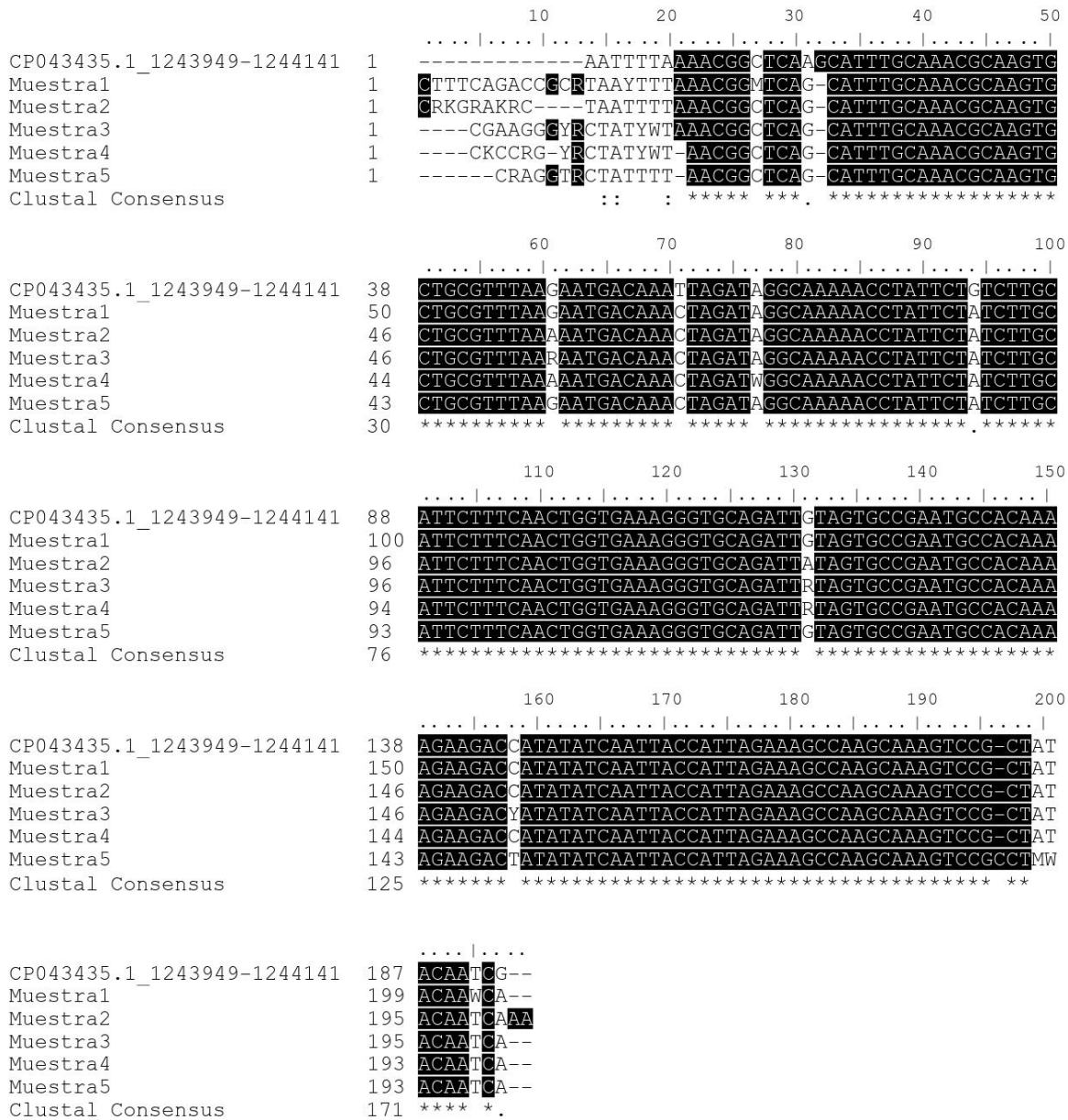


Figura 2. Alineación de secuencias de *Cfv* en muestras de toros de la zona centro de Tamaulipas. Se utilizó el software Clustal Omega de EMBL-EBI

DISCUSIÓN

Está documentado que la CGB afecta a hatos bovinos; patología causada por *Campylobacter fetus* (*C. fetus*) subespecie *venerealis* (*Cfv*). La CGB es una de las



principales causas de infertilidad y aborto en bovinos, ovinos y caprinos; y se ha confirmado la presencia en varios países del continente americano como Argentina, Brasil, Costa Rica, Jamaica y México. Sin embargo, en México, este patógeno ha sido poco estudiado en las zonas ganaderas. La detección de esta subespecie patógena en toros utilizados como sementales es de suma importancia para el control de esta enfermedad en los hatos, ya que son portadores asintomáticos; y, además de ser utilizados para la monta directa, el semen es frecuentemente utilizado para inseminación artificial, tanto en fresco como en pajillas conservadas en nitrógeno líquido. Aunado a los problemas de infertilidad, *Cff* se considera la principal causa de las alteraciones espermáticas debido a la capacidad que tienen estas bacterias de adherirse a los espermatozoides ocasionando daño en la membrana acrosomal así como también a la cromatina espermática, lo que disminuye la calidad del semen y consecuentemente el porcentaje de preñez, además de influir en la infertilidad en las hembras por la transmisión de las bacterias al tracto genital en la monta natural (Cagnoli *et al.*, 2020).

El diagnóstico de esta enfermedad se puede realizar por diversos métodos como aislamiento bacteriológico, métodos serológicos como ELISA e IFD, y ensayos moleculares como PCR (Mshelia *et al.*, 2010; Clune *et al.*, 2022). El aislamiento bacteriológico es el método menos sensible, como lo demuestra Groff *et al.*, en 2010, donde comparó este método con PCR, dando como resultado que este método molecular es 8.5 veces más sensible que el aislamiento bacteriológico tradicional. En este estudio se utilizó la PCR siguiendo las recomendaciones de otros investigadores; para la identificación de *Cfv* con el gen *cstA* y para *Cff* con el gen *virB11* (Hum *et al.*, 1997; Iraola *et al.*, 2012), dado que los cebadores generados para la identificación de estos genes pueden detectar secuencias específicas de ADN de *Cfv* y *Cff*; con la PCR desarrollada permitió que se detectaran casos positivos de CGB en el área de estudio. Otro de los métodos que se ha utilizado es IFD; sin embargo, Ferreira en 2002 muestra que la técnica no distingue las subespecies de *C. fetus*.

En México, a partir de 1994 se exporta ganado bovino a los Estados Unidos de América, y el estado de Tamaulipas se ha caracterizado por tener uno de los mayores inventarios del país. En el ciclo 2020-2021 la exportación de ganado vacuno en pie fue de 30,896 cabezas a Estados Unidos según datos de la Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural (SADER). Considerando la necesidad de incrementar el número de animales para suplir la demanda de estos, es necesario contar con un diagnóstico zoonosológico de enfermedades que afectan parámetros reproductivos. El éxito del diagnóstico depende en gran medida de la toma de muestras; con base en informes previos informados por Silveira *et al.*, 2018 y Delpiazzo *et al.*, 2021.

La prevalencia de CGB es variable en diferentes áreas del mundo, y existen diversos factores que favorecen su transmisión (Hoque *et al.*, 2021). En México poco se ha reportado la presencia de *Campylobacter* en bovinos; el único estudio encontrado en nuestro país fue realizado por Barajas en 2013 en zonas tropicales de México; mediante



la prueba ELISA reveló una seroprevalencia de 21.3% en bovinos. El método de detección fue diferente y el muestreo fue menor; la frecuencia detectada en este estudio fue de 18.4%, lo que indica que la CGB está presente en los hatos bovinos de Tamaulipas. Cabe mencionar que el trabajo de Barajas se realizó con ganado del trópico húmedo del programa de extensionismo para ganaderos del Norte de Veracruz, estado colindante con Tamaulipas y con condiciones climáticas similares a la zona de estudio. El objetivo de este estudio fue detectar la presencia de *C. fetus* en toros de la zona centro del estado de Tamaulipas. De las 7 amplificaciones sugestivas de *Cfv* por PCR, 5 fueron evaluadas por secuenciación. Los resultados obtenidos en el análisis bioinformático confirman que la amplificación corresponde a una región del gen virB11 que es una secuencia de islas de patogenicidad presente solo en *Cfv* con 233 pb y ausente en *Cff*, lo que permite diferenciar estas dos subespecies por método molecular. Los resultados obtenidos en el presente trabajo son consistentes con lo publicado previamente por Iraola *et al.*, 2016, por lo que la situación epidemiológica pudiera estar en riesgo por la diseminación de este patógeno por el uso de toros portadores con fines reproductivos.

CONCLUSION

En este estudio se detectó por PCR y se corroboró por secuenciación la presencia de *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* con una frecuencia del 18.4% de los toros analizados de la zona centro del estado de Tamaulipas, lo que representa el primer reporte en México de esta bacteria por métodos moleculares.

AGRADECIMIENTOS

Al MVZ. Francisco Trejo Meza del Centro de Mejoramiento Genético de la Asociación Ganadera Regional de Tamaulipas por permitir el muestreo de toros de ordeña.

LITERATURA CITADA

ADHIKARI P, Antala D, Bhandari B, Mohamed K, Egoryan G, Stake JJ, Friedman H. 2022. A Case of *Campylobacter Fetus* Subspecies Fetus Systemic Infection. *Cureus Journal of Medical Science*. 14:e23963. <https://doi.org/10.7759/cureus.23963>

ALTSCHUL SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ. 1990. Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*. 215:403-10. [https://doi.org/10.1016/S0022-2836\(05\)80360-2](https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2)

BARAJAS JA. 2013. Seroepidemiología de *Campylobacter fetus* subes. *venerealis* en ganado bovino en el trópico de México. Congreso Nacional de Buiatría XXXVII. <https://www.expresionesveterinarias.com/2018/09/seroepidemiologia-de-campylobacter.html>



- CAGNOLI CI, Chiapparrone ML, Cacciato CS, Rodríguez MG, Aller JF, Catena MDC. 2020. Effects of *Campylobacter fetus* on bull sperm quality. *Microbial Pathogenesis*. 149:1-5. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104486>
- CAMPOS-MÚZQUEZ LG, Méndez ET, Arellano B, Martínez D. 2019. *Campylobacter fetus* is Internalized by Bovine Endometrial Epithelial Cells. *Polish Journal of Microbiology*. 68:217-224. <https://doi.org/10.33073/pjm-2019-022>
- CAMPOS-MÚZQUEZ LG, Méndez ET, Palacios N, Martínez D. 2021. *Campylobacter fetus* Induced Proinflammatory Response in Bovine Endometrial Epithelial Cells. *Polish Journal of Microbiology*. 70:99-106. <https://doi.org/10.33073/pjm-2021-009>
- CHABAN B, Chu S, Hendrick S, Waldner C, Hill JE. 2012. Evaluation of a *Campylobacter fetus* subspecies venerealis real-time quantitative polymerase chain reaction for direct analysis of bovine preputial samples. *Canadian Journal of Veterinary Research*. 76:166-73. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3384278/>
- CHIAPPARRONE ML, Morán PE, Echevarría HM, Soto P, Paolicchi FA, Catena M. 2014. *Campylobacter fetus* subsp. venerealis adhesion to MDBK cells. *Revista Argentina de Microbiología*. 46:269-70. [https://doi.org/10.1016/S0325-7541\(14\)70081-1](https://doi.org/10.1016/S0325-7541(14)70081-1)
- CHUKWU MO, Luther KA, Ubomba-Jaswa E, Obi L, Dewar JB. 2019. Characterization and Phylogenetic Analysis of *Campylobacter* Species Isolated from Paediatric Stool and Water Samples in the Northwest Province, South Africa. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 16:2205. <https://doi.org/10.3390/ijerph16122205>
- CLUNE T, Bruce M, Glanville E, Campbeñ AS, Lockwood A, Hancock S, Thompson AN, Beetson S, Brookes D, Trengove C. 2022. Seropositivity to *Campylobacter* and association with abortion and lamb mortality in maiden ewes from Western Australia, South Australia and Victoria. *Australian Veterinary Journal*. 10.1111/avj.13173. Advance online publication. <https://doi.org/10.1111/avj.13173>
- DELPIAZZO R, Barcellos M, Barros S, Betancor L, Fraga M, Gil J, Iraola G, Morsella C, Paolicchi F, Pérez R, Riet-Correa F, Sanguinetti M, Silva A, Silva S, Calleros L. 2021. Accurate and fast identification of *Campylobacter fetus* in bulls by real-time PCR targeting a 16S rRNA gene sequence. *Veterinary and Animal Science*. 11:100163. <https://doi.org/10.1016/j.vas.2020.100163>
- DORSCH MA, Francia ME, Tana LR, González C, Cabrera A, Calleros L, Sanguinetti M, Barcellos M, Zarantonelli L, Ciuffo C, Maya L, Castells M, Mirazo S, Silva S, Rabaza A, Caffarena RD, Doncel B, Aráoz V, Matto C, Armendano I, Giannitti F. 2022. Diagnostic Investigation of 100 Cases of Abortion in Sheep in Uruguay: 2015-2021. *Frontiers in Veterinary Science*. 9:904786. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.904786>
- FERNÁNDEZ R, Lorenzo-Vizcaya AM, Bustillo M, Fernández R. 2022. *Campylobacter fetus* meningitis and subdural empyema. *Enfermedades infecciosas y microbiología clinica* (English ed.), 40:212–213. <https://doi.org/10.1016/j.eimce.2022.02.005>



FERREIRA F, Oliveira P, Bastos F, Paula M, Leite M, Pereira L. 2002. Evaluation of direct fluorescent antibody test for the diagnosis of bovine genital campylobacteriosis. *Rev Latinoam Microbiol.* 44:118–23. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17063594/>

GROFF A, Kirinus J, Sá e SM, Manchado G, Mateus MC, Agueda V. 2010. Polymerase chain reaction for the diagnosis of bovine genital campylobacteriosis. *Pesquisa Veterinaria Brasileira.* 30:1031-1035. <https://doi.org/10.1590/S0100-736X2010001200005>

HOQUE N, Islam SK, Uddin MN, Arif M, Haque AK, Neogi SB, Hossain MM, Yamasaki S, Kabir SM. 2021. Prevalence, Risk Factors, and Molecular Detection of *Campylobacter* in Farmed Cattle of Selected Districts in Bangladesh. *Pathogens.* 10:313. <https://doi.org/10.3390/pathogens10030313>

HUM S, Quinn K, Brunner J, Slw O. 1997 Evaluation of a PCR assay for identification and differentiation of *Campylobacter fetus* subspecies. *Australian Veterinary Journal.* 75:827–831. <https://doi.org/10.1111/j.1751-0813.1997.tb15665.x>

IRAOLA G, Hernández M, Calleros L, Paolicchi F, Silveyra S, Velilla A, Carretto L, Rodríguez E, Pérez R. 2012. Application of a multiplex PCR assay for *Campylobacter fetus* detection and subspecies differentiation in uncultured samples of aborted bovine fetuses. *Journal of Veterinary Science.* 13:371-6 <https://doi.org/10.4142/jvs.2012.13.4.371>

IRAOLA G, Pérez R, Betancor L, Marandino A, Morsella C, Méndez A, Paolicchi F, Piccirillo A, Tomás G, Velilla A, Calleros L. 2016. A novel real-time PCR assay for quantitative detection of *Campylobacter fetus* based on ribosomal sequences. *BMC Veterinary Research.* Dec12:286. <https://doi.org/10.1186/s12917-016-0913-3>

LI X, Tang H, Xu Z, Tang H, Fan Z, Jiao X, Huang J. 2022. Prevalence and characteristics of *Campylobacter* from the genital tract of primates and ruminants in Eastern China. *Transboundary and Emerging Diseases*, 10.1111/tbed.14524. *Advance online publication.* <https://doi.org/10.1111/tbed.14524>

LÚCIO ÉC, Barros MR, Mota RA, de Cássia Carvalho Maia R, Pinheiro JW. 2019. Identification of *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* virulence genes in cervical mucus from cows. *Brazilian Journal of Microbiology.* 50:1133-1137. <https://doi.org/10.1007/s42770-019-00127-w>

LYNCH CT, Buttimer C, Epping L, O'connor J, Walsh N, McCarthy C, O'brien D, Vaughan C, Semmler T, Bolton D, Coffey A, Lucey B. 2022. Phenotypic and genetic analyses of two *Campylobacter fetus* isolates from a patient with relapsed prosthetic valve endocarditis. *Pathogens and Disease.* 79:ftab055. <https://doi.org/10.1093/femspd/ftab055>

MSHELIA GD, Amin JD, Egwu GO, Woldehiwet Z, Murray RD. 2012. The prevalence of bovine venereal campylobacteriosis in cattle herds in the Lake Chad basin of Nigeria. *Tropical Animal Health and Production.* 44:1487-1489. <https://doi.org/10.1007/s11250-012-0092-6>



SILVEIRA CDS, Fraga M, Giannitti F, Macías-Rioseco M, Riet-Correa F. 2018. Diagnosis of Bovine Genital Campylobacteriosis in South America. *Frontiers in Veterinary Science*. 5:321. <https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00321>

TSHIPAMBA ME, Akinola SA, Ngoma L, Mwanza M. 2020. Genome Sequence of *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* NW_ED23, Isolated from Bovine Sheath Wash. *Microbiology Resource Announcements*. 9:e00854-20. <https://doi.org/10.1128/MRA.00854-20>

[Errata Erratum](#)

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