



Abanico Veterinario. Janeiro-Dezembro 2023; 13:1-10. <http://dx.doi.org/10.21929/abavet2023.6>
Estudo de Caso. Recebido: 01/08/2022. Aceito:28/02/2023. Publicado: 28/04/2023. Chave: e2022-57.
<https://www.youtube.com/watch?v=DIZAWIMFh80>

Frequência de *Campylobacter fetus* em bovinos reprodutores na região central 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 e para correspondência: 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

RESUMO

A campilobacteriose genital bovina (CGB) é uma doença infecciosa contagiosa que afeta o gado. A doença é considerada uma doença de notificação obrigatória e está incluída na lista B de doenças de animais terrestres, de acordo com a Organização Mundial de Saúde Animal (OMSA). Em ruminantes, foi demonstrado que o *Campylobacter fetus* subsp. *fetus* afeta (Cff) o sistema entérico, especialmente o intestino, e é uma das principais causas de infertilidade e aborto em bovinos, ovinos e caprinos. A doença foi relatada em vários países do mundo. No México, a presença desse patógeno tem sido pouco estudada; neste estudo, a existência de *Campylobacter fetus* subsp. *veneralis* (CFv) em touros da área central de Tamaulipas, México, foi comprovada pela técnica de PCR e sequenciamento do produto amplificado, o que representa o primeiro relato desse patógeno por métodos moleculares nesse país.

Palavras-chave: *Campylobacter fetus veneralis*, touros, sêmen, lavagem 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.



INTRODUÇÃO

A campilobacteriose genital bovina (CGB) é uma doença infecciosa que afeta o gado. O gênero *Campylobacter* é responsável por essa doença. São bactérias Gram-negativas, em forma de espiral e móveis. Atualmente, são reconhecidas 32 espécies de *Campylobacter* (Chukwu *et al.*, 2019), das quais *Campylobacter fetus* subsp. *fetus* (Cff) e *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* (Cfv) afetam o sistema reprodutivo do gado (Chiapparrone *et al.*, 2014). A doença é considerada uma doença de notificação obrigatória, incluída na Lista B de doenças de animais terrestres de acordo com a Organização Mundial de Saúde Animal (OMSA), antiga OIE (Tshipamba *et al.*, 2020). Nos ruminantes Cff, o patógeno demonstrou afetar o sistema entérico, especialmente o intestino (Li *et al.*, 2022), por outro lado, os touros com Cfv são reservatórios porque as bactérias vivem e se adaptam em cistos prepuciais, enquanto nas vacas as colonizações são na vagina, no colo do útero e no útero (Cagnoli *et al.*, 2020 y Lúcio *et al.*, 2019), induzindo processos pró-inflamatórios (Campos-Múzquez *et al.*, 2021) devido à internalização nas células do epitélio endometrial (Campos-Múzquez *et al.*, 2019), causando abortos (Clune *et al.*, 2022); o *C. fetus* também pode afetar os seres humanos e foi relatado que induz infecções sistêmicas (Adhikari *et al.*, 2022), endocardite (Lynch *et al.*, 2022) e meningite (Fernández *et al.*, 2022). O isolamento bacteriológico e o uso de testes bioquímicos desempenham um papel importante na identificação de *C. fetus* e na diferenciação entre Cff e Cfv, pois são considerados o padrão-ouro; no entanto, a implementação dessas técnicas de cultura é difícil, pois *Campylobacter* requer condições de cultura *in vitro* mais exigentes do que outros gêneros bacterianos, além disso, a cultura é pobre em confiabilidade e reprodutibilidade (Iraola *et al.*, 2016). Para a identificação de Cfv, podem ser usados diferentes métodos, como a reação antígeno-anticorpo, como os ensaios imunoenzimáticos (ELISA), a imunofluorescência direta (ID) (Dorsch *et al.*, 2022) e métodos moleculares, como a eletroforese em gel de campo pulsado (EGCP), o polimorfismo de comprimento de fragmento amplificado (PLFA), a tipagem de sequência multilocus e a reação em cadeia da polimerase (PCR). Atualmente, a PCR é o teste alternativo mais promissor para detectar com eficiência o Cfv em amostras de campo (Chaban *et al.*, 2012). O objetivo deste estudo foi detectar a presença de *C. fetus* por PCR no esmegma de touros usados como reprodutores na zona central do estado de Tamaulipas.

MATERIAL E MÉTODOS

Amostragem

Foi realizada uma amostragem por conveniência em ganhos bovinos com mais de 2 anos de idade, de diferentes raças (Charolês, Beefmaster, Brangus vermelho, Brahman) em Unidades de Produção Pecuária (UPP) localizadas na área central de Tamaulipas, México. O estudo foi realizado de agosto a dezembro de 2020. Para obter amostras



prepucciais, seringas e cânulas descartáveis estéreis foram usadas para depositar 60 mL de solução de Ringer (PISA[®]) no prepúcio de cada garanhão; em seguida, o orifício prepucial foi fechado e uma massagem vigorosa foi realizada por 5 minutos em todo o prepúcio, posteriormente o conteúdo da lavagem (esmegma) foi obtido por drenagem e depositado em um saco plástico estéril com selo hermético. As amostras de sêmen foram obtidas por eletroejaculação com o uso do equipamento minitube[®] e a estimulação do ejaculado não ultrapassou 20 volts por animal. Para a coleta do ejaculado, foi usado um estojo de coleta, que contém um funil de látex, no final do qual foi colocado um tubo graduado para receber o sêmen; esse tubo foi identificado antes de ser usado. As amostras foram mantidas sob refrigeração (4°C) durante o transporte e até o processamento (Silveira *et al.*, 2018).

Isolamento do DNA

As amostras coletadas foram centrifugadas a 604 xG por 5 min (Centurion Sc limited, Reino Unido) em tubos plásticos estéreis de 50 ml; posteriormente, o sobrenadante foi descartado e o sedimento foi reconstituído com 0,2 ml de PBS 1X estéril. Para o isolamento do DNA genômico, todas as amostras foram tratadas com um kit comercial de sangue e tecido DNeasy (QIAGEN[®] Alemanha), seguindo as instruções do fabricante. Após a conclusão do processo de coleta de DNA, os produtos genômicos foram mantidos congelados (-20 °C) até o uso posterior. Para avaliar a purificação do DNA, foi realizado um estudo espectrofotométrico a 260/280 nanômetros (JENWAY Genova, Reino Unido), e foram considerados valores ideais de pureza de 1,8 a 2,0; as amostras de DNA que se encontravam dentro dessa faixa foram submetidas à amplificação de DNA por PCR.

Amplificação e eletroforese de DNA

Foi usado um PCR multiplex; os primers usados foram nC1165g4F (AGGACACACAAATGGGTAAGTGG) e nC1165g4R (GATTGTATATAGCGACTTTGC) para detectar uma região do gene *Cfv* *cstA* com produtos de amplificação de 233 pares de bases (pb); os primers MG3F (GGTAGCCGCAGCTAAGAT) e MG4R (TAGCTACACAATAACGACAAC) detectam a região do gene *virB11* *Cff* com amplificação de 764 pb (Iraola *et al.*, 2012 e Hum *et al.*, 1997). Como controle positivo da reação de PCR, foi usado o ácido nucleico de uma cepa de referência ATCC de *Cff* 27374. Posteriormente, ao realizar os ensaios de PCR, foi identificada uma amostra (amostra 1) com amplificação sugestiva de *Cfv*. O resultado da amplificação foi sequenciado pelo Instituto de Biotecnologia da UNAM. A sequência foi analisada no banco de dados GenBank, usando a ferramenta on-line BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>). A reação de PCR foi realizada em 50 µL, (contendo 5 µL de 10 X Buffer (Tris-HCl 100 mM pH 8,4, KCl 500 mM, gelatina 10 µg/ml, BSA 1,5 mg/ml, 1% Triton X 100 (Biotecmol, BIOTECMOL[®], CDMX México), dNTPS 0.2



mM (Invitrogen™, Life technologies; EUA), 25 µM de cada primer, MgCl₂ 3,0 mM (BIOTECMOL® CDMX, México), 5 U de Taq DNA polimerase (Amplificasa® BIOTECMOL, CDMX, México), mais 300 ng de DNA, finalmente ajustado com água livre de nuclease para 50 µL. As condições de ciclagem de PCR utilizadas foram a desnaturação inicial por 7 min a 95 °C, seguida de 35 ciclos de desnaturação por 30 s a 94 °C, alinhamento de 30 s a 53 °C; e extensão por 1 min a 72 °C, e uma extensão final de 2 min a 72 °C (Iraola *et al.*, 2012). Os produtos finais foram analisados por eletroforese em gel de agarose a 3% e, em seguida, corados com brometo de etídio (Promega) em uma concentração de 0,5 µg/mL por 30 min. Para a visualização e identificação dos produtos de PCR, foi usado um transiluminador UV e fotodocumentado no sistema de imagem E-gel. Os produtos de PCR foram purificados com o kit comercial PureLink™ PCR Purification Kit (Invitrogen, Carlsbad, EUA). Alguns produtos de PCR foram sequenciados no Instituto de Biotecnología UNAM, Cidade do México, México. Os resultados do sequenciamento foram analisados no BLASTn. O banco de dados NCBI/GenBank (Altschul *et al.*, 2012). foi usado para comparação de sequências.

RESULTADOS

Trinta e oito touros foram amostrados; uma amostra foi obtida de cada um; 31 do lavado prepucial e sete do sêmen. 18,4% foram amostras positivas (7/38) (Figura 1), das quais duas eram de sêmen e cinco de lavagens prepuciais. Das 7 amostras positivas, 5 produtos de PCR foram submetidos a sequenciamento. Todas as sequências foram comparadas considerando a bactéria com o número de acesso do Genbank JF901335.1.

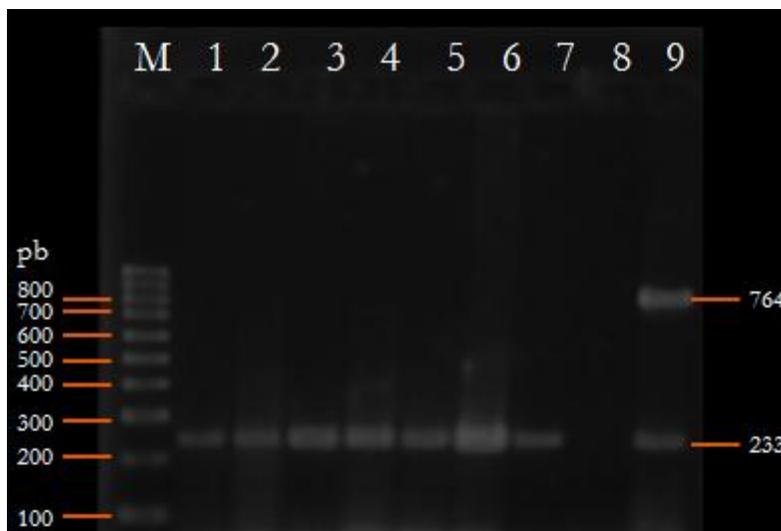


Figura 1. Gel de agarose a 2,5% com produtos de PCR. Faixa M: 100 mpb (BIOLINE, EUA); faixas 1-9: *Cfv* positivo; faixa 8: controle negativo; faixa 9: controle positivo *Cff* 764 pb e *Cfv* 233 pb



DISCUSSÃO

Está documentado que a CGB afeta os rebanhos bovinos, patologia causada pelo *Campylobacter fetus* (*C. fetus*) subespécie *venerealis* (*Cfv*). A CGB é uma das principais causas de infertilidade e aborto em bovinos, ovinos e caprinos, e sua presença foi confirmada em vários países do continente americano, como Argentina, Brasil, Costa Rica, Jamaica e México. No entanto, no México, esse patógeno foi pouco estudado em áreas de pecuária. A detecção dessa subespécie patogênica em touros utilizados como reprodutores é de extrema importância para o controle da doença nos rebanhos, uma vez que eles são portadores assintomáticos; e, além de ser utilizado para acasalamento direto, o sêmen é frequentemente usado para inseminação artificial, tanto fresco quanto em palhetas preservadas em nitrogênio líquido. Além dos problemas de infertilidade, a *Cff* é considerada a principal causa de alterações nos espermatozoides devido à capacidade dessas bactérias de se aderirem aos espermatozoides, causando danos à membrana acrossomal e à cromatina dos espermatozoides, o que reduz a qualidade do sêmen e, conseqüentemente, a taxa de gravidez, além de influenciar a infertilidade nas fêmeas devido à transmissão da bactéria para o trato genital durante o acasalamento natural (Cagnoli *et al.*, 2020).

O diagnóstico dessa doença pode ser realizado por vários métodos, como o isolamento bacteriológico, métodos sorológicos, como ELISA e ID, e ensaios moleculares, como PCR (Mshelia *et al.*, 2010; Clune *et al.*, 2022). O isolamento bacteriológico é o método menos sensível, conforme demonstrado por Groff *et al.*, em 2010, que compararam esse método com a PCR, resultando em um método molecular 8,5 vezes mais sensível do que o isolamento bacteriológico tradicional. Neste estudo, a PCR foi usada seguindo as recomendações de outros pesquisadores para a identificação de *Cfv* com o gene *cstA* e de *Cff* com o gene *virB11* (Hum *et al.*, 1997; Iraola *et al.*, 2012), uma vez que os primers gerados para a identificação desses genes podem detectar seqüências de DNA específicas de *Cfv* e *Cff*; com a PCR desenvolvida, foi possível detectar casos positivos de CGB na área de estudo. Outro método que tem sido usado é o ID; no entanto, Ferreira *en 2002*, mostra que a técnica não distingue as subespécies de *C. fetus*.

No México, o gado de corte tem sido exportado para os Estados Unidos desde 1994, e o estado de Tamaulipas tem se caracterizado por ter um dos maiores estoques do país. No ciclo 2020-2021, a exportação de gado vivo foi de 30.896 cabeças para os Estados Unidos, de acordo com dados do Ministério da Agricultura e Desenvolvimento Rural (SADER). Considerando a necessidade de aumentar o número de animais para suprir a demanda por eles, é preciso ter um diagnóstico zoossanitário das doenças que afetam os parâmetros reprodutivos. O sucesso do diagnóstico depende em grande parte da amostragem; com base em relatórios anteriores relatados por Silveira *et al.*, 2018 y Delpiazzo *et al.*, 2021.



A prevalência de CGB é variável em diferentes áreas do mundo, e há vários fatores que favorecem sua transmissão (Hoque *et al.*, 2021). No México, a presença de *Campylobacter* em bovinos tem sido pouco relatada; o único estudo encontrado em nosso país foi realizado por Barajas em 2013 em áreas tropicais do México; por meio do teste ELISA, revelou uma soroprevalência de 21,3% em bovinos. O método de detecção foi diferente e a amostragem foi menor; a frequência detectada neste estudo foi de 18,4%, o que indica que o CGB está presente nos rebanhos bovinos de Tamaulipas. Vale a pena mencionar que o trabalho de Barajas foi realizado com gado dos trópicos úmidos do programa de extensão para criadores de gado no norte de Veracruz, um estado adjacente a Tamaulipas e com condições climáticas semelhantes às da área de estudo.

O objetivo deste estudo foi detectar a presença de *C. fetus* em touros da zona central do estado de Tamaulipas. Das 7 amplificações sugestivas de *Cfv* por PCR, 5 foram avaliadas por sequenciamento. Os resultados obtidos na análise bioinformática confirmam que a amplificação corresponde a uma região do gene *virB11*, que é uma sequência de ilhas de patogenicidade presente somente na *Cfv* com 233 pb e ausente na *Cff*, o que permite diferenciar essas duas subespécies pelo método molecular. Os resultados obtidos no presente trabalho são consistentes com os publicados anteriormente por Iraola *et al.*, 2016, portanto, a situação epidemiológica pode estar em risco devido à disseminação desse patógeno pelo uso de touros portadores para fins reprodutivos.

CONCLUSÃO

Neste estudo, a presença de *Campylobacter fetus* subsp. *venerealis* foi detectada por PCR e corroborada por sequenciamento com uma frequência de 18,4% dos touros analisados da zona central do estado de Tamaulipas, o que representa o primeiro relato no México dessa bactéria por métodos moleculares.

AGRADECIMENTOS

Ao MVZ. Francisco Trejo Meza, do Centro de Mejoramiento Genético da Associação Ganadera Regional de Tamaulipas, por permitir a coleta de amostras de touros leiteiros.



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>