Abanico Veterinario. Janeiro-Dezembro 2022; 12:1-11. http://dx.doi.org/10.21929/abavet2022.28
Artigo Original. Recebido: 20/12/2021. Aceito:24/09/2022. Publicado: 24/10/2022. Chave: e2021-87.
https://www.youtube.com/watch?v=3e06v5chrV8

Similaridade genética de sorovares de *Salmonella* isolados de granjas de suínos em Sinaloa, México

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

Garfio-Romero Alberto[1] ID, Silva-Hidalgo Gabriela[1]ID, Rendón-Maldonado José[2]ID, Simental Lourdes[3] ID, Beltrán-Fernández Saúl [4]ID, Romo-Rubio Javier*[5]ID

[1]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. [2]Laboratorio de Microscopía Electrónica, Facultad de Ciencias Químico-Biológicas, Universidad Autónoma de Sinaloa, Ciudad Universitaria 80040, Culiacán, Sinaloa, México. [3]Inoquotech SA de CV, Federalismo 44911–5 Residencial Palmillas 80150 Culiacán, Sinaloa INO 181005BZ3. [4]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. [5]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 correspondência: 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

RESUMO

A *Salmonella* é um importante patógeno como agente causador de doenças gastroentéricas por meio do consumo de alimentos contaminados. Para determinar a similaridade genética dos sorovares de *Salmonella*, 340 amostras de fezes e tecido do íleo foram coletadas de suínos de diferentes idades e estágios fisiológicos de duas granjas localizadas na zona central do Estado de Sinaloa; as amostras de íleo foram coletadas em um abatedouro TIF. A similaridade genética dos sorovares foi realizada por digestão com a enzima de restrição *Xba*I e eletroforese em gel de campo pulsado (PFGE). *Salmonella* e os sorovares *Anatum*, *Seftenberg*, *Untipable*, *Javiana*, *Tokoin*, *Newport*, *Typhimurium*, *Weltevreden*, *Serrakunda*, *Muenchen*, Grupo C2, Grupo E1 (E2-E4), Grupo E1, Grupo C1 e Grupo F foram isolados de 32 das amostras testadas. O sorovar *Anatum* isolado com mais frequência teve uma similaridade genética de 87.5 – 100 %, o Grupo E1 87.5 -100 %, o *Serrekunda* 88.9 -100 %, o *Muenchen* 100 %, o *Senftenberg* 96.6 % e o *Newport* 75.9 %; esses sorovares tiveram um coeficiente de Jaccard maior que 0.75 na análise de PFGE e, portanto, foram considerados clones bacterianos. Em conclusão, a porcentagem de similaridade genética observada foi alta, indicando uma possível fonte de contaminação cruzada nas unidades de produção de suínos analisadas.

Palavras-chave: *Anatum*, suínos, PFGE, *Salmonella*, sorovares.

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.

INTRODUÇÃO

A *Salmonella* não tifoide é considerada um grande problema de saúde pública, e a crescente relevância dos suínos como reservatórios de *Salmonella* spp. levou vários países a estabelecer programas de vigilância e controle para combater a infecção e reduzir os riscos à saúde pública (Villalpando *et al*., 2017). Até o momento, são conhecidos cerca de 2.600 sorovares dessa bactéria, que geralmente são encontrados no trato gastrointestinal em espécies de animais domésticos e selvagens e até mesmo em seres humanos (Herikstad *et al*., 2002). Os suínos geralmente são portadores assintomáticos, excretando o patógeno intermitentemente ou quando estressados (Simons *et al*., 2015). Surtos de salmonelose associados ao consumo de carne suína colocaram a carne suína e os produtos suínos como a segunda fonte mais importante de infecção humana (Pires *et al*., 2011; Santana *et al*., 2020).

A eletroforese em gel de campo pulsado (PFGE) provou ser uma técnica altamente discriminatória e é frequentemente usada em estudos epidemiológicos de surtos causados por microrganismos como *Salmonella* spp (Pires *et al*., 2014). A PFGE tem sido útil e precisa no rastreamento de fontes de contaminação, permitindo a identificação da persistência, da contaminação cruzada e da distribuição de *Salmonella* na produção e no processamento de suínos (Magistrali *et al*., 2008; De Busser *et al*., 2011; Kich *et al*., 2011; Gomes *et al*., 2012; Villalpando *et al*., 2017). Vários protocolos de PFGE são padronizados para patógenos bacterianos transmitidos por alimentos, que fazem parte da rede nacional de vigilância de doenças transmitidas por alimentos nos Estados Unidos (Swaminathan *et al*., 2001). A enzima *Xba*I, seguida pela *Apa*I, apresentou os melhores resultados para diferenciar os isolados, agrupando-os em linhagens e mostrando variações intrasserótipos. Os resultados dessas análises, em vários países da América Latina, são analisados usando o PulseNet; isso garante a comparação dos padrões de PFGE em condições equivalentes (Cardozo *et al*., 2012). Os sorovares *S. Derby* e *S. Typhimurium* foram isolados com mais frequência de suínos na América do Norte, Europa, Ásia e Oceania; na África, *S. Hadar* e na América Latina, *S. Meleagridis*, *S. Anatum* e *S. Agona* (Dos Santos *et al*., 2019). Em um estudo realizado no Brasil, sugeriu-

se que S. *Typhimurium* e sua variante monofásica 4, 5, 12: i: apresentaram perfis genéticos idênticos ao determinar a similaridade genética por PFGE (Dos Santos *et al*., 2019); sendo, além disso, o sorovar com a maior prevalência em diferentes áreas da fazenda. No México, a sorotipagem de 358 cepas de *Salmonella enterica* isoladas de carne suína moída, frango e carne bovina mostrou que os sorotipos mais frequentes são *S. Anatum*, *S. Newport* e *S. Typhimurium* (Villalpando *et al*., 2017).
O objetivo do estudo foi determinar a similaridade genética de sorovares de Salmonella isolados de amostras fecais coletadas de duas fazendas de ciclo completo localizadas na zona central do Estado de Sinaloa e de amostras de íleo coletadas em um matadouro do tipo inspeção federal (TIF).

MATERIAL E MÉTODOS

Coleta e isolamento de amostras de *Salmonella*

As amostras fecais foram coletadas na fazenda de porcos "La Huerta" e "Recoveco", localizadas na sindicatura de Culiacancito, município de Culiacán Rosales, e na vila de Recoveco, município de Mocorito, Sinaloa, respectivamente.
Aproximadamente 40 g de matéria fecal foram coletados de porcas na área de gestação; posteriormente (10 dias depois), a matéria fecal foi coletada das mesmas porcas na área de maternidade, bem como de seus filhotes (leitões). Foram coletadas amostras fecais do mesmo grupo de suínos durante sua permanência na área de iniciação e na área de engorda. Além disso, foram coletadas amostras de fauna nociva (matéria fecal de roedores e baratas), água do tanque de resfriamento e água residual após a lavagem das baias. Também foram coletadas amostras de fezes obtidas do trailer durante o transporte para o abatedouro e antes do abate (amostras de fezes obtidas da baia de descanso). Durante o processo de abate no Rastro Tipo Inspección Federal (TIF 99. FAPSA y asociados S. A de C.V., Carretera Culiacán - El Dorado, km 12.5), aproximadamente 100 g de tecido do intestino delgado foram coletados da porção do íleo. As amostras foram colocadas em recipientes estéreis e previamente etiquetados.

As amostras foram processadas no Laboratório de Patologia da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Autônoma de Sinaloa. Para o isolamento de Salmonella, 1 g de material fecal e tecido intestinal foi pesado e incubado para pré-enriquecimento por 48 h a 37 °C em caldo tetrationato (Difco^{MR}). Posteriormente, 100 µl de caldo de tetrationato foram inoculados no caldo *Rappaport Vassiliadis* (Difco^{MR}) para enriquecimento seletivo e incubados por 24 h a 42 °C. Por fim, as amostras foram inoculadas em ágar Xilose Lisina Tergitol-4 (XLT4 Difco^{MR}), seguido por um período de incubação de 24 horas a 37 °C.

Extração de DNA para análise de similaridade de genes

A preparação da amostra foi realizada a partir de culturas frescas em ágar tripticaseína-soja (Difco^{MR}) incubado a 37 °C por 24 horas; em seguida, as colônias bacterianas foram misturadas em 2 mL de tampão de suspensão de células até atingir uma densidade óptica de 0.52. A temperatura foi mantida a -20 °C, 20 µL de proteinase K foram adicionados e incubados a 42 °C em um banho-maria por 10 minutos. Ao mesmo tempo, foi preparada agarose certificada a 1 % e 400 µl de agarose foram misturados com 400 µl da suspensão de células contendo proteinase K, e a suspensão foi então depositada em moldes de plugues em triplicata até polimerizar. Cada triplicata de tampões foi colocada em tubos falcon com 5 mL de tampão de lise celular e 50 µl de proteinase K e incubada por 18 horas a 54 °C. Em seguida, os plugues foram lavados com água estéril e tampão de ácido tris-etilenodiaminotetracético (TE) e, por fim, os plugues foram armazenados em frascos de polipropileno previamente rotulados com 5 mL de tampão TE.

Análise de similaridade génica

A similaridade genética dos sorovares foi realizada por digestão com a enzima de restrição *Xba*I e eletroforese em gel de campo pulsado (PFGE), usando o sistema CHEF-DR III BIORAD no Centro de Pesquisas Epidemiológicas de Sinaloa (Culiacán, Sinaloa, México), certificado pela Organização Mundial da Saúde e pela Global Foodborne Infections Network. As condições de execução eletroforética utilizadas foram: tensão de 6 V/cm, ângulo de 120°, tempo de pulso inicial de 2.2 segundos, tempo de pulso final de 63.8 segundos, miliampere (mA) inicial de 132, temperatura de 14 °C por 19 h. Após a eletroforese, o gel foi corado com brometo de etídio e as imagens dos géis foram capturadas com um fotodocumentador de imagem Alpha. A análise dos géis foi realizada com o software GelCompar II no Instituto Nacional de Saúde Pública (INSP). Os isolados foram atribuídos a um tipo diferente de PFGE quando foi detectada diferença genética. A análise de agrupamento foi realizada usando o coeficiente de Jaccard e o método de grupo de pares não ponderado com médias aritméticas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Um total de 340 amostras de suínos sem sinais digestivos compatíveis com salmonelose foi processado. A *Salmonella* foi isolada de 32 das amostras coletadas e os seguintes sorovares foram identificados: *S. Anatum*, *S. Seftenberg*, *S. Untipable*, *S. Javiana*, *S. Tokoin*, *S. Newport*, *S. Typhimurium*, *S. Weltevreden*, *S. Serrakunda*, *S. Muenchen*, *S.* Group C2, *S.* Group E1 (E2-E4), *S.* Group E1, *S.* Group C1, *S.* Group F. (Tabela 1).

Foi identificada a similaridade genética dos sorovares de *Salmonella* isolados de amostras fecais nas diferentes áreas de produção, de ambas as fazendas e em diferentes momentos de amostragem. Os sorovares de *S. Anatum* isolados de fezes de suínos na área de engorda e de tecido (íleo) apresentaram uma similaridade genética de 100 %; os

sorovares de *S. Anatum* isolados de fezes de leitões e ratos retirados da área de parição, tecido (íleo) e fezes de suínos obtidos do corredor de transferência apresentaram uma similaridade de 96.3 a 97 %. Os sorovares de *S. Anatum* isolados das fezes de suínos da área de gestação e da água residual obtida da fossa comum na fazenda "Recoveco" apresentaram uma similaridade genética de 86.7 %. Cinco sorovares do grupo *S*. E1, dois sorovares *S*. *Newport*, dois sorovares *S. Seftenberg* e dois sorovares *S. Serrakuda* apresentaram uma similaridade gênica e um índice Jaccard maior que 0.75. A *S. Muenchen* compartilhou 100 % de similaridade genética com o sorovar *S*. Group C2, enquanto o sorovar *S. Tokoin* teve 97 % de similaridade genética com a *Salmonella S*. Group C1; o restante dos sorovares testados apresentou similaridade genética inferior a 75 % (Figura 1).

Hung-Chih *et al*. (2014) relataram 12 sorovares, dos quais os cinco mais comuns foram *S. Typhimurium*, *S. Choleraesuis*, *S. Derby*, *S. Livingstone* var. 14+ e *S. Schwarzengrund*, que representaram 84 % dos isolados em todos os suínos; desses, 44 % tinham padrões de PFGE estreitamente relacionados a isolados humanos. No presente estudo, o sorovar com a maior frequência de isolamento foi o *S. anatum*, com 86 e 100 % de similaridade genética entre eles. Dos Santos *et al*. (2019), em um estudo realizado no sul do Brasil, identificaram *S. Typhimurium* em amostras fecais coletadas de diferentes áreas produtivas dentro da fazenda e em diferentes fazendas, com perfis eletroforéticos idênticos (100 % de similaridade); esses resultados são consistentes com os obtidos, nos quais foram obtidos perfis com alta similaridade genética, excedendo o coeficiente de Jaccard de 0.75.

No caso particular do sorovar *S. anatum*, isolado com maior frequência tanto nas fezes quanto nas amostras de tecido intestinal da região do íleo, foi observada uma similaridade genética de 86.7 a 100 %. No restante dos sorovares analisados, a similaridade genética também foi alta: *S*. Grupo E1: E2-E4 e *S.* Grupo E1, com similaridade entre 87.5 -100 %, *S. Serrekunda* entre 88.9 -100 %, *S. Muenchen* e *S.* Grupo C2 de 100 %, *S. Senftenberg* de 96.6 % e *S.* Newport de 75.9 %; portanto, eles podem ser considerados idênticos. Isso pode indicar possível contaminação cruzada ou contaminação da mesma fonte dentro da fazenda. A contaminação cruzada nas fazendas representa um desafio para o controle e a erradicação da bactéria. Isso pode aumentar a disseminação dentro da fazenda, colocando em risco a saúde dos animais e, sendo uma doença zoonótica, a saúde humana também é colocada em risco pelo consumo de produtos animais contaminados.

Tabela 1. Frequência dos sorovares de *Salmonella* e fontes de isolamento

Serovar	Área de isolamento	Porcentagem de isolamento
Anatum	Maternidade (fezes de leitões)	
	Fezes de roedores	31.3
	Engorda (fezes)	
	Íleo	
Seftenberg	Maternidade (fezes)	6.3
	Íleo	
	Gestação (fezes)	
Untypable	Gestação (fezes)	3.1
Javiana	Gestação (fezes)	3.1
Tokoin	Gestação (fezes)	3.1
Newport	Desmame (fezes)	6.3
Typhimurium	Íleo	3.1
Weltevreden	Água do tanque de resfriamento (gestação)	3.1
Serrakunda	Gestação (fezes)	6.3
	Agua del tanque de refrigeración (gestación)	
Muenchen	Desmame (fezes)	3.1
Grupo C2	Maternidade (fezes)	6.3
	Barata (área da maternidade)	
Grupo E1 (E2-E4)	Água residual de fossa comum	3.1
	Maternidade (barata)	
Grupo E1	Gestação (água do reservatório	15.6
	Íleo	
	Maternidade (piscina de fezes)	
Grupo C1	Íleo	3.1
Grupo F	Desmame (fezes)	3.1

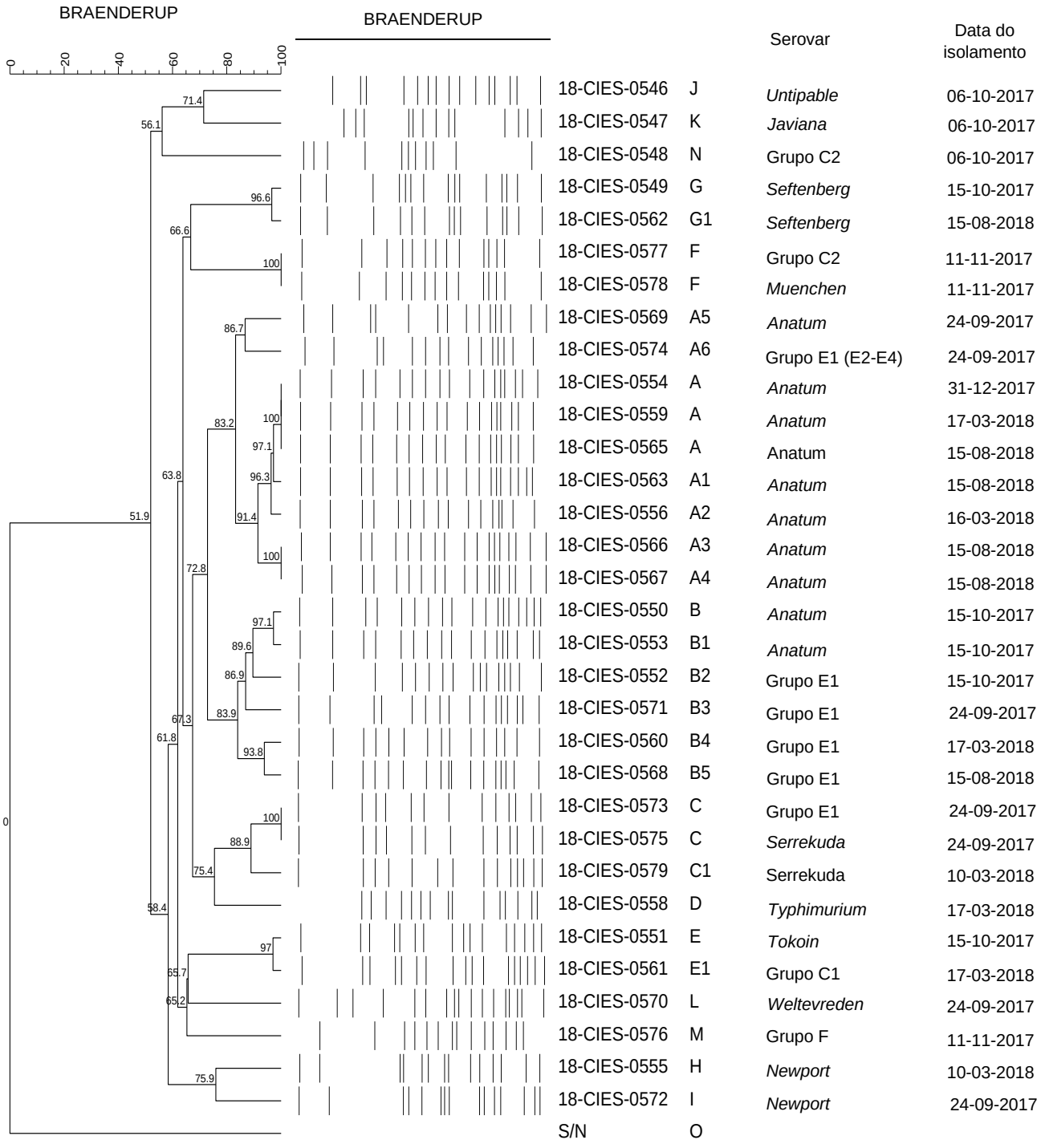

Figura 1: Análise de PFGE

Os sorovares *S. Anatum*, *S. Seftenberg*, *S. Tokoin*, *S. Newport*, *S. Typhimurium*, *S. Serrakunda*, *S. Muenchen*, *S*. Group E1 (E2-E4), *S.* Group E1 e *S*. Group C1 apresentaram um coeficiente de Jaccard superior a 0.75 na análise de PFGE e, portanto, são considerados clones bacterianos.

Kureljusic *et al*. (2017) isolaram os sorovares *S. Dervi*, *S. Infantis* e *S. Typhimurium* de suínos na área de abate, observando uma similaridade gênica de 98 a 100 % para *S. Dervi*, sendo também o mais frequentemente isolado; eles também indicaram que os sorovares *S. Infantis* e *S. Typhimurium* apresentaram uma alta similaridade gênica. Na presente pesquisa, o sorovar *S. Anatum*, isolado de amostras de íleo obtidas da planta de processamento do abatedouro TIF 99, apresentou uma similaridade genética de 95 %; os sorovares *S.* Group E1 (E2-E4), *S*. Group E1, *S. Seftenberg*, *S. Typhimurium* e *S.* Group C1 também foram isolados. No caso do sorovar *S. Seftenberg*, isolado de amostras de íleo e fezes da área de maternidade, foi observada uma similaridade genética de 96.6 %; esses resultados são semelhantes aos relatados por Santana *et al*. (2020), que relataram uma similaridade genética para o sorovar *S. Seftenberg* isolado de fezes de porcas na área de gestação, área de lactação e leitões na área de desmame. Estudos anteriores indicam a presença de vários sorovares de *Salmonella* nas fezes e no tecido intestinal, mostrando uma alta similaridade genética, o que poderia indicar contaminação cruzada, o que é consistente com os resultados obtidos no presente estudo. Além da similaridade gênica observada em *S. anatum*, foi encontrada alta persistência, pois ela foi isolada de amostras coletadas em datas com até 10 meses de diferença; esse achado sugere a persistência de *Salmonella* nas diferentes áreas. Um relatório semelhante, com 150 dias de diferença entre as amostras, foi observado em isolados dos sorovares *S*. 4, [5], 12: i, *S. Rissen* e *S. Derby*, em fezes de leitões da mesma fazenda (Bernad *et al*., 2021). A esse respeito, Casanova *et al*. (2019), indicaram uma similaridade de PFGE superior a 90 % para os sorovares *S. Rissen*, *S. Brandenburg* e *S. Derby* e observaram padrões de infecção de longo prazo (mais de 200 dias) em leitões. Além disso, eles relataram similaridade genética nos sorovares *S. Derby*, *S. Anatum* e *S*. 4, [5], 12: i, em porcas de diferentes fazendas a partir de amostras fecais coletadas com mais de 300 dias de intervalo. Estudos anteriores são consistentes com os resultados observados neste estudo, indicando que a *Salmonella* pode ter uma alta persistência em unidades de produção de suínos.

CONCLUSÃO

Os resultados do presente estudo indicam que os sorovares *S. Anatum*, *S. Seftenberg*, *S. Tokoin*, *S. Newport*, *S. Typhimurium*, *S. Serrakunda*, *S. Muenchen*, *S*. Group E1 (E2-E4), *S*. Group E1 e *S*. Group C1 são clones bacterianos, sugerindo uma possível fonte de contaminação cruzada, bem como uma alta persistência de *Salmonella* nas unidades de produção de suínos testadas.

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 Diversityof *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 Knegt 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