



**BENEMÉRITA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE PUEBLA**

---

**INSTITUTO DE CIENCIAS:  
CENTRO DE INVESTIGACIONES EN  
CIENCIAS MICROBIOLÓGICAS**

**ANÁLISIS BIBLIOGRÁFICO Y BIOINFORMÁTICO DE GENES DE  
RESISTENCIA BACTERIANA A ANTIBIÓTICOS UTILIZADOS EN  
LA INDUSTRIA PORCÍCOLA**

**Tesis que para obtener el título de  
MAESTRO EN CIENCIAS (MICROBIOLOGÍA).**

**PRESENTA:**

**BIÓL. JAVIER RUBÉN MIRANDA VALDÉS**



**DIRECTORA: D. C. VIANEY MARÍN CEVADA  
CO-DIRECTORA: D. C. LIDIA ESMERALDA GARCÍA DÍAZ**

“[...] If you can force your heart and nerve and sinew  
To serve your turn long after they are gone,  
And so hold on when there is nothing in you  
Except the Will which says to them: ‘Hold on! [...]”  
Rudyard Kipling, *If*.

## DEDICATORIA

Primeramente, para mi mamá y hermano, quienes muy a su manera independiente, siempre me han impulsado para seguir el camino del bien y la superación personal, en la búsqueda incesante por ser un mejor profesionalista y ser humano.

Asimismo, para mi papá, tía Silvia, primo José, demás familiares, amigos y personas que han sido importantes y que, de algún modo, me han apoyado, mostrado su cariño y ánimo desde antes de haber ingresado a la maestría, como con la culminación de esta tesis.

Y con singular mención, para todos aquellos lectores cuya curiosidad, libre de timidez y malicia, los impulsa siempre a la búsqueda del conocimiento auspiciado por el anhelo del bienestar, no solo personal, sino colectivo entre nuestra especie y todas las demás con quienes por un instante compartimos esta febril existencia.

## **AGRADECIMIENTOS**

### **A los integrantes de la comisión revisora y miembros del jurado**

- |                                      |            |
|--------------------------------------|------------|
| 1. D.C. Rosa del Carmen Rocha Gracia | ICUAP-BUAP |
| 2. D.C. Ricardo Carreño López        | ICUAP-BUAP |
| 3. D.C. Miguel Castañeda Lucio       | ICUAP-BUAP |
| 4. D.C. Lidia Esmeralda García Díaz  | ICUAP-BUAP |
| 5.D.C. Vianey Marín Cevada           | ICUAP-BUAP |

A todos los profesores que favorecieron el desarrollo de la tesis y quienes me transmitieron su conocimiento y consejos para mejorar en mi desarrollo profesional.

A Granjas Carroll de México, S. de R.L. de C.V. ® por financiamiento, las facilidades y apoyo general brindado.

Al Posgrado en Ciencias (Microbiología) por la beca “Apoyo a Conclusión de Tesis”.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca nacional para el desarrollo de mis estudios de maestría.

Puebla, Pue. a 20 de enero 2023.

**A LA ACADEMIA DEL POSGRADO  
EN MICROBIOLOGÍA  
CICM-ICUAP  
P R E S E N T E.**

Por este conducto los abajo firmantes, integrantes del Comité revisor de Tesis de Maestría del alumno **Javier Rubén Miranda Valdés**, les informamos que hemos revisado el escrito titulado:

**“Análisis bibliográfico y bioinformático de genes de resistencia bacteriana a antibióticos utilizados en la industria porcícola”**

A nuestro juicio, el alumno **Javier Rubén Miranda Valdés** puede proceder a la digitalización de la tesis y a la presentación del examen de grado correspondiente.

Sin más que agregar, nos despedimos afectuosamente de ustedes.

Atentamente.

“Pensar Bien Para Vivir Mejor”

D.C. Lidia Esmeralda García Díaz

D.C. Rosa del Carmen Rocha Gracia

D.C. Ricardo Carreño López



D.C. Miguel Castañeda Lucio

## RESUMEN

La resistencia a antibióticos es un grave problema alrededor del mundo, se prevé que para 2050 cause más muertes que el cáncer, debido a las bacterias multirresistentes. Entre sus causas, se encuentra la ganadería, una de las actividades industriales con mayor auge desde el siglo pasado, pero también una de las que más impacto ambiental y en salud pública tiene. El cerdo (*Sus scrofa domesticus*) es el animal productor de alimento más criado y consumido en el mundo con una tendencia al alta. Los residuos derivados y los mismos productos cárnicos constituyen un importante reservorio de genes de resistencia a antibióticos (ARGs) que pueden ser transmitidos a los humanos a través del consumo o contacto directo, el ambiente o el mal manejo, lo cual puede derivar en importantes enfermedades zoonóticas, especialmente de índole entérico. Por ello, es importante conocer la diversidad y abundancia de los ARGs para así tener un mejor control y seguimiento a su dispersión. El presente trabajo de tesis constó de una revisión bibliográfica para conocer el panorama mundial de uso de antibióticos en la ganadería alrededor del mundo, seguido por un análisis bioinformático de los ARGs y MGEs (Elementos Genéticos Móviles) de cinco especies entéricas y patógenas comúnmente presentes en la microbiota tanto del cerdo como del ser humano (*Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Salmonella enterica*). Por su relevancia, se emplearon los datos de la Administración de Alimentos y Medicamentos (FDA, por sus siglas en inglés) de Estados Unidos de América, y de la Agencia Europea de Medicamentos (EMA, por sus siglas en inglés) en el análisis bibliográfico. Con el análisis bioinformático se halló un total de 157 ARGs distribuidos a partir de 1869 genomas totales de las cinco especies bacterianas, ordenadas de mayor a menor diversidad de ARGs: *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus faecalis* y *Salmonella enterica*. Los MGEs omnipresentes entre las cinco especies fueron las secuencias de inserción. Ante los hallazgos, se recomienda la promoción y aplicación efectiva de regulaciones para controlar la resistencia a antibióticos en las naciones.

## ABSTRACT

Antibiotic resistance is a severe problem around the world, it is expected that by 2050 it will cause more deaths than cancer, due to the multi-resistant bacteria. Within its causes, there is the livestock farming, one of the industrial activities with the greatest boom since the last century, but also one with the greatest environmental and public health impact. The pig (*Sus scrofa domesticus*) is the most bred and consumed food-producing animal in the world with a rising trend. The derived residues and the meat products themselves constitute an important reservoir of Antibiotic Resistance Genes (ARGs) that can be transmitted to humans through consumption or direct contact, the environment or mishandling, which can lead to important zoonotic diseases, especially of enteric nature. Therefore, it is important to know the diversity and abundance of ARGs to have a better control and monitoring of their dispersion. This thesis work consisted of a bibliographic review to understand the global panorama of antibiotic use in livestock around the world, followed by a bioinformatic analysis of the ARGs and MGEs (Mobile Genetic Elements) of five enteric and pathogenic species commonly present in the microbiota of both, pigs, and humans (*Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* and *Salmonella enterica*). Due to its relevance, data from the United States Food and Drug Administration (FDA) and the European Medicines Agency (EMA) were used in the bibliographic analysis. With the bioinformatic analysis, a total of 157 ARGs were found distributed from 1869 total genomes of the five bacterial species, ordered from highest to lowest diversity of ARGs: *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus faecalis* and *Salmonella enterica*. The omnipresent MGEs among the five species were the insertion sequences. Thus, because of these findings, the promotion and effective application of regulations to control antibiotic resistance in nations is recommended.

## ÍNDICE

	Pág.
Dedicatoria.....	I
Agradecimientos.....	II
<b>RESUMEN.....</b>	<b>IV</b>
<b>ABSTRACT.....</b>	<b>V</b>
<b>INTRODUCCIÓN.....</b>	<b>1</b>
<b>CAPÍTULO 1: OBJETIVOS E HIPÓTESIS</b>	
1.1. Objetivos de la investigación.....	6
1.1.1. Objetivo general.....	6
1.1.2. Objetivos específicos.....	6
1.2. Hipótesis.....	6
<b>CAPÍTULO 2: MATERIALES Y MÉTODOS</b>	
2.1. Esquema de la Metodología.....	7
2.2. Revisión sobre el Uso de Antibióticos en la Producción Pecuaria.....	7
2.3. Base de Datos y Selección de Genes de Resistencia.....	7
2.4. Curvas de Acumulación de Genes.....	8
2.5. Determinación de la Presencia o Ausencia de los Genes de Resistencia.....	9

2.6. BLAST masivo y Análisis de Datos..... 9

**CAPÍTULO 3: RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

3.1. Análisis de Antibióticos en la Producción Animal..... 11

3.2. Selección de Especies Bacterianas..... 14

3.3. Determinación de los Genes de Resistencia..... 15

3.4. Análisis Final..... 21

**CONCLUSIONES**..... 23

**PERSPECTIVAS**..... 24

**REFERENCIAS**..... 25

**ANEXOS**..... 31

A1..... 31

A2..... 36

A3..... 46

A4..... 36

A5..... 36

A6..... 37

A7..... 37

A8..... 56

A9..... 59

## Abreviaturas

ARG	Gen de Resistencia a Antibióticos.
EMA	Agencia Europea de Medicamentos.
FAO	Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura.
FDA	Administración de Alimentos y Medicamentos (EE. UU.).
MAPA	Ministerio de Agricultura, Ganadería y Abastecimiento (Brasil).
MGE	Elemento Genético Móvil.
NCBI	Centro Nacional para la Información Biotecnológica (EE. UU.).
OMS	Organización Mundial de la Salud.
qPCR	Reacción en Cadena de la Polimerasa Cuantitativa.
SEGOB	Secretaría de Gobernación (México).
USDA	Departamento de Agricultura de los Estados Unidos.

## Lista de figuras

Número	Título de la figura	Pág.
1	Inter-correlación del flujo de difusión potencial de ARGs entre los distintos entornos (Tomado de FAO, 2016).	2
2	Curvas de acumulación de genes en las cinco especies bacterianas.	9
3	Clases de antibióticos aprobados para la venta destinada a la producción animal en EE. UU. y Europa (FDA, 2020 & EMA, 2020).	11
4	Distribución porcentual de las clases de antibióticos destinados a la producción animal y aprobados para la venta en EE. UU. y Europa (FDA, 2020 & EMA, 2020).	12
5	Uso de antibióticos para la producción animal en EE. UU. y Europa durante la última década (FDA, 2020 & EMA, 2020).	13
6	Variación porcentual de las ventas totales por cada una de las clases de antibióticos aprobados y usados para la producción animal de distintas especies, en EE. UU. en 2019 (FDA, 2020)	13
7	Venta por kilo de antibióticos aprobados y usados para la producción animal, según la especie a que son destinados, en EUA en 2019 (FDA, 2020).	13
8	El denominador Unidad de Corrección Poblacional (PCU, por sus siglas en inglés) y su distribución por especies animales productoras de alimentos (1 PCU = 1 kg), por país europeo, en 2018 (EMA, 2020).	14
9	Presencia de ARGs y MGEs en 15 cepas de <i>Enterococcus faecalis</i> de origen porcino.	16
10	Presencia de ARGs y MGEs en 15 cepas de <i>Enterococcus faecium</i> de origen porcino.	16

11	Presencia de ARGs y MGEs en 15 cepas de <i>Escherichia coli</i> de origen porcino.	17
12	Presencia de ARGs y MGEs en 18 cepas de <i>Klebsiella pneumoniae</i> de origen porcino.	18
13	Presencia de ARGs y MGEs en 15 cepas de <i>Salmonella enterica</i> de origen porcino.	18
14	Riqueza total de familias de genes de resistencia a antibióticos en las cinco especies de bacterias analizadas.	19
15	Diversidad de ARGs en las especies bacterianas analizadas.	21

## Lista de tablas

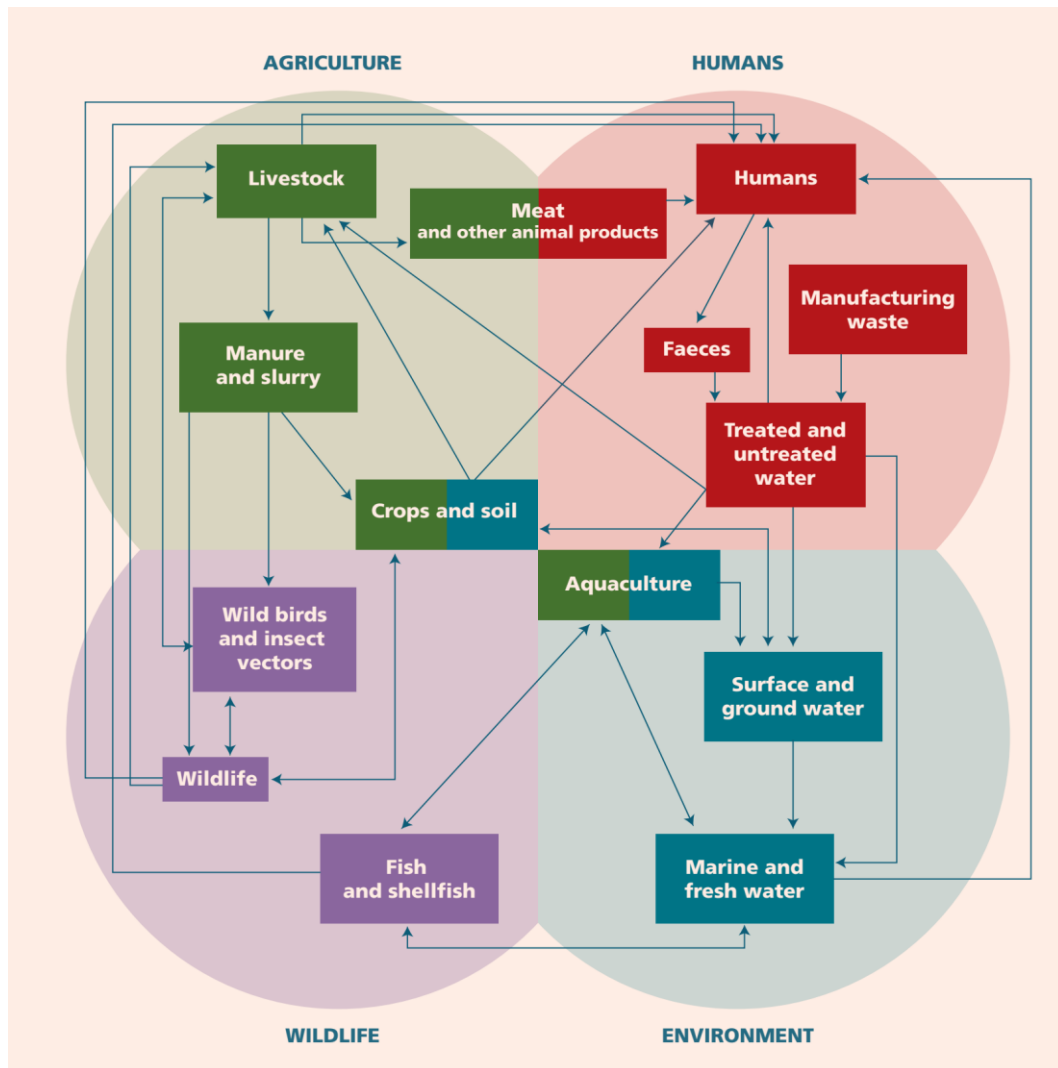
<b>Número</b>	<b>Título de la tabla</b>	<b>Pág.</b>
1	Bacterias seleccionadas para el análisis metagenómico de genes de resistencia.	15
2	Abundancia total de ARGs y abundancia relativa con los genes redundantes excluidos entre las cinco especies de bacterias analizadas.	15
3	ARGs más frecuentes en todas las cepas bacterianas, ordenados de mayor a menor.	20
4	Tipos de MGEs presentes en las cepas bacterianas analizadas en este estudio.	20

## INTRODUCCIÓN

Los antibióticos son medicamentos indicados en la prevención y tratamiento de infecciones causadas por bacterias sin tener efecto sobre las virales. La resistencia a antibióticos es un problema de escala mundial que aumenta peligrosamente, está originada por las mutaciones que ocurren en las bacterias ante la exposición continua a esos fármacos ([OMS, 2022](#)). Sin embargo, esta condición no es algo nuevo pues los genes de resistencia a antibióticos (ARGs, por sus siglas en inglés: Antimicrobial resistance genes) son una circunstancia evolutiva natural y confieren resistencia a las bacterias desde tiempos remotos. Existe evidencia de ARGs hallados en heces humanas paleolíticas, pero el problema se ha agravado en la era actual con el sobreuso de los antibióticos y la selección artificial por el humano ([Zhang et al., 2022](#)). Entre los tipos de resistencia observados en las bacterias son: la intrínseca, aquella que se desarrolla de forma natural en ausencia de mecanismos de presión y selección antimicrobiana (sin exposición previa) debida a características funcionales o estructurales específicas; y la adquirida, que puede deberse a mutaciones de genes cromosómicos existentes, la adquisición de material genético externo por transferencia vertical u horizontal de genes o a mutaciones de dicho material genético ([Zhang & Feng, 2016](#); FAO, 2016; [CloECKaert et al., 2017](#)). Entre las diversas oportunidades y medios que tienen las bacterias para volverse resistentes, destaca el uso intensivo de antibióticos en las prácticas pecuarias y piscícolas, pues es común administrar antibióticos a animales sanos con fines profilácticos y de promoción de crecimiento, lo cual crea condiciones para el desarrollo y transferencia de genes de resistencia entre las bacterias presentes en los animales, los humanos y el ambiente (Figura 1) (FAO, 2016; [Mdegela et al., 2021](#)).

La mayoría de los antibióticos administrados en la crianza animal tienen fines no terapéuticos, como la promoción del crecimiento y la profilaxis, y frecuentemente se detectan en el tracto digestivo del ganado en concentraciones bajas y subletales que ralentizan el crecimiento de las poblaciones bacterianas susceptibles. Como consecuencia, se genera una presión selectiva que permite que las bacterias en los

sistemas digestivos del ganado adquieren, conserven y dispersen ARGs, lo cual deriva en un aumento en la abundancia relativa de poblaciones resistentes ([He et al., 2020](#)).



**Figura 1.** Inter-correlación del flujo de difusión potencial de ARGs entre los distintos entornos (Tomado de FAO, 2016).

Una práctica común que agrava el problema es el reuso de los biosólidos pecuarios como abono en la agricultura, dado que se estima que entre el 75 al 90% de los antibióticos son excretados sin metabolizarse por parte de los animales ([FAO, 2022](#)), esto lleva el riesgo implícito de acarrear residuos de antibióticos, genes de resistencia y bacterias multirresistentes (además de hormonas y otros contaminantes) que, incluso con ciertos tratamientos, son persistentes y tienen la facultad de contaminar ambientes

receptores como el suelo en que se aplican y dispersarse a áreas vecinas ([He et al., 2020](#); [Lao et al., 2021](#)).

La producción de cerdo (*Sus scrofa domesticus*) toma relevancia al considerar su gran magnitud alrededor del mundo (se prevén 110.975 millones toneladas producidas para el 2023, [USDA, 2022](#)), y por ser la industria pecuaria que más antibióticos emplea ([FDA, 2021](#)). China es el mayor productor, con el 45% del total, seguido por Europa con el 21.5%, Estados Unidos con el 11.4% y, consecutivamente, Brasil (4%), Rusia (3.4%), Vietnam (2.5%), Canadá (2%), México (1.4%), Corea del Sur (1.2%), Japón (1.2%), Filipinas (0.9%) y el resto de los países (5.4%) ([USDA, 2022](#)).

Pese la existencia de diversas y recientes restricciones hacia los antibióticos en su uso como promoción de crecimiento en la crianza de ganado (Unión Europea, 2006; Estados Unidos, 2017; Brasil y China, 2020), su uso en el sector pecuario es tal que, en algunos países representa hasta el 80% del total de antibióticos consumidos nacionalmente ([Muurinen et al., 2021](#); [OMS, 2017](#); [MAPA, 2020](#)). Son Europa y Estados Unidos las regiones políticas con mayor regulación en la administración y modo de uso de antibióticos, en tanto que es la Agencia Europea de Medicamentos (EMA, por sus siglas en inglés: European Medicines Agency) la encargada en el primer caso ([EMA, 2021](#)), y la Administración de Medicamentos y Alimentos (FDA, por sus siglas en inglés: Food and Drugs Agency) por el segundo ([FDA, 2021](#)). En México, en 2018 entró en vigor la “Estrategia Nacional de Acción contra la Resistencia a los Antimicrobianos” que, entre otros puntos, actualmente no contempla la prohibición del uso de antibióticos como promotores de crecimiento en la cría animales, pero sí una mejora en su regulación ([SEGOB, 2018](#)).

Si bien todavía se desconocen aspectos importantes de la resistencia a antibióticos, diversos estudios han demostrado y descrito la existencia de relaciones entre el sobreuso de antibióticos ([He et al., 2020](#)), la presencia de genes de resistencia a antibióticos y el alcance que pueden tener al esparcirse entre distintos hospederos y ambientes al ser acarreados por elementos genéticos móviles (MGE, por sus siglas en inglés: mobile genetic elements) vía transferencia horizontal. Por su parte, [Yao et al. \(2020\)](#), cuantificaron tres clases de antibióticos (fluoroquinolonas, macrólidos y

sulfonamidas), ocho tipos de ARGs y cinco variedades de MGEs en tierras de cultivo en China contaminadas con residuos municipales sólidos pobremente tratados y, al comparar la presencia de antibióticos y MGEs respecto a la abundancia de ARGs, determinaron que los MGEs fueron los mayores contribuyentes.

En el mismo año, [Yang et al. \(2020\)](#) destacaron el papel potencial que tiene el estiércol porcino como un importante reservorio de ARGs y MGEs; ellos analizaron estiércol de granjas porcinas en China por qPCR y revelaron que, tanto en las heces como en el estiércol tratado, los integrones de clase 1 y 2, así como plásmidos conjugativos, fueron concurrentes. Por otro lado, [Muurinen et al. \(2021\)](#) en Estados Unidos, exploraron la influencia de los antibióticos y promotores de crecimiento alternativos en el resistoma fecal de cerdo, así como la movilidad de ARGs y su relación con los MGEs. Se comprobó que los antibióticos y promotores de crecimiento alternativos estrecharon los vínculos entre ARGs y MGEs de forma positiva y directamente proporcional, lo cual se atribuyó a que las concentraciones subterapéuticas y la inducción de los mecanismos de respuesta al estrés bacteriano, inducen la transferencia horizontal de genes.

Al considerar a algunas de las bacterias patógenas a humanos y multirresistentes a antibióticos más referidas, la presente investigación *in silico* (investigación asistida por computadora) se concentró en el análisis descriptivo y comparativo de los genes de resistencia de cinco bacterias entéricas presentes frecuentemente en aislados de origen porcino: *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus faecium*, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Salmonella entérica*. *E. faecalis* y *E. faecium* son comensales grampositivos que forman parte de la microbiota intestinal de un amplio número de organismos homeotermos. Dichas bacterias entéricas se caracterizan por ser multirresistentes con el potencial de generar diversas infecciones sistémicas complicadas ([Halpern et al., 2011](#); [Van Tyne et al., 2013](#)). En cuanto a *E. coli*, es un bacilo gramnegativo comúnmente encontrado en el ambiente, alimentos y tractos digestivos de los animales, la mayoría de sus cepas son inofensivas para los seres humanos, pero son de interés las patógenas que pueden causar diarrea, infecciones urinarias o respiratorias, entre otros malestares ([CDC, 2022](#)). *K. pneumoniae* es otra bacteria gramnegativa que suele habitar en los intestinos y materia

fecal de animales, destaca por la gran resistencia a antibióticos que ha desarrollado, puede provocar enfermedades como la neumonía, infección del torrente sanguíneo o la meningitis ([CDC, 2022](#)). Del mismo modo, *S. enterica* es un comensal Gramnegativo con actividad intracelular patógena en humanos y otros animales, habita en los sistemas digestivos, pero se puede esparcir fácilmente a través del alimento o el ambiente ([Silbergleit et al., 2020](#)).

## **CAPÍTULO I. OBJETIVOS E HIPÓTESIS**

### **1.1 Objetivos de la Investigación**

#### **1.1.1 General.**

Realizar una búsqueda bioinformática de genes de resistencia a antibióticos en cepas aisladas de cerdos, y establecer su presencia, abundancia y riqueza.

#### **1.1.2 Específicos.**

1. Analizar el uso de antibióticos en la producción animal en el mundo.
2. Identificar y seleccionar especies bacterianas potencialmente portadoras de ARGs y MGEs en cerdos.
3. Determinar la diversidad de los genes de resistencia a antibióticos en cinco de las principales especies entéricas aisladas de cerdos.
4. Establecer y analizar las relaciones existentes entre los genes de resistencia a antibióticos de las distintas cepas bacterianas.

### **1.2 Hipótesis**

La diversidad de genes de resistencia a antibióticos (ARGs) presentes en las cepas bacterianas está relacionada con la intensidad de uso de los antibióticos en la industria porcícola y potenciada por elementos genéticos móviles (MGEs).

## CAPÍTULO II: MATERIALES Y MÉTODOS

### 2.1 Diagrama experimental.



### 2.2. Revisión sobre el uso de antibióticos en la producción pecuaria.

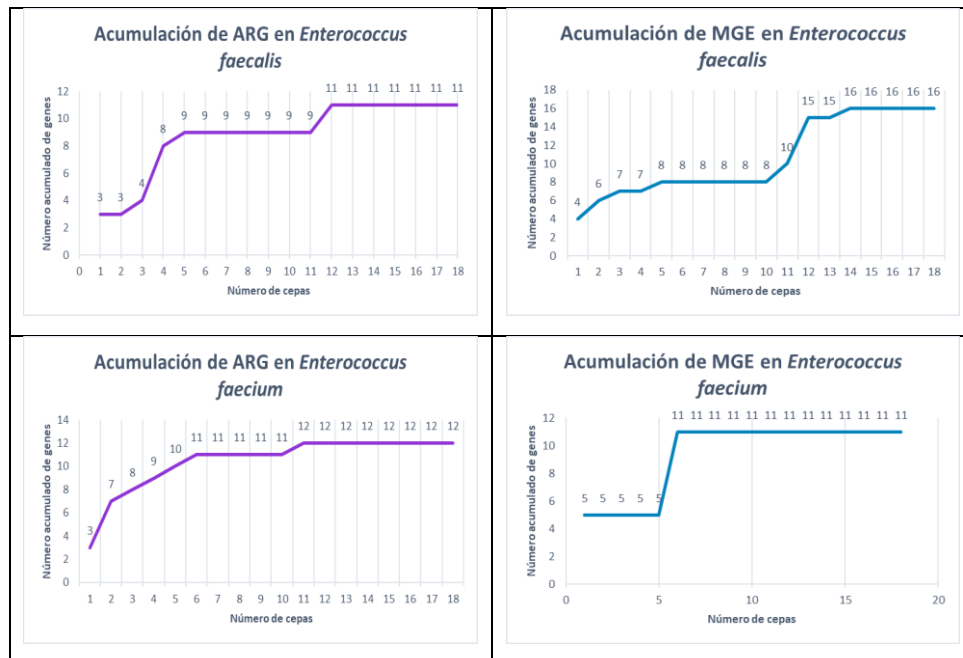
Se realizó una búsqueda literaria general para conocer cómo se administran mundialmente los antibióticos en los animales de granja, los genes de resistencia ante ellos y cuáles son las especies bacterianas entérico-porcinas más comúnmente reportadas por su asociación con la resistencia a antibióticos. Para tal efecto se aplicaron ecuaciones de búsqueda en distintos motores de búsqueda y plataformas, lo cual fue registrado en una bitácora de resultados (Anexo A1).

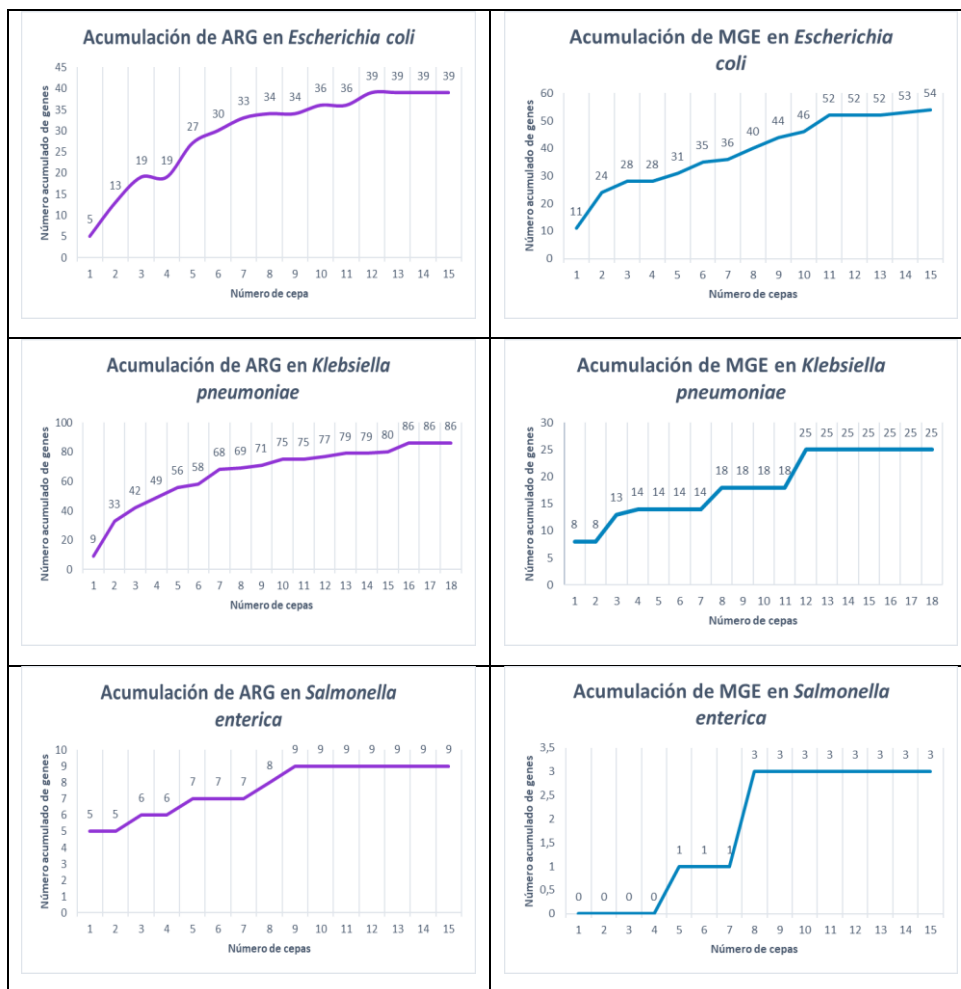
### 2.3. Base de datos y Selección de Genes de Resistencia

Se empleó la base datos del NCBI (por sus siglas en inglés, Centro Nacional para la Información Biotecnológica) y el comando “grep” en Linux para filtrar las secuencias de nucleótidos de todas las cepas de origen porcino pertenecientes a las especies *Enterococcus faecalis*, *E. faecium*, *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Salmonella enterica*. Los datos fueron guardados en tablas de Excel y, al azar, se escogieron inicialmente doce cepas de cada especie para buscar los ARGs y MGEs que contienen con los softwares Resfinder y MGE Finder respectivamente, pertenecientes al Centro de Epidemiología Genómica de Dinamarca.

## 2.4. Curvas de Acumulación de Genes.

A continuación, se crearon curvas de acumulación orientadas a los ARGs y MGEs presentes en las cepas escogidas de cada especie para determinar qué número de cepas por especie es representativo para el estudio. Lo anterior se basa en la evaluación gráfica de los hallazgos de un nuevo gen de resistencia hasta el punto en que se alcanza una asíntota, lo que significa que la probabilidad de encontrar uno nuevo es casi nula respecto al número total acumulado de genes; eso se observa cuando en las curvas se presenta una línea estable en el eje x por al menos tres repeticiones. Así, se partió de la búsqueda de genes de resistencia en doce cepas por especie y dicho número se incrementó tanto como fuese necesario para que el número de genes permaneciera inalterado por al menos en tres ocasiones por cada especie bacteriana. En las Figura 2 se observa el número de cepas que fue necesario considerar para obtener estabilidad en las curvas de acumulación para ARGs y MGEs correspondientemente.





**Figura 2.** Curvas de acumulación de genes en las cinco especies bacterianas.

### 2.5. Determinación de la Ausencia-Presencia de los Genes de Resistencia.

Una vez que se fijó el número representativo de cepas por cada especie, en el NCBI se realizó la búsqueda y obtención de sus secuencias proteicas (Anexo A7) y se guardaron en un archivo de texto con formato. FASTA, con la finalidad de realizar un BLAST para comparar la presencia, riqueza y abundancia intraespecífica de los genes hallados en cada especie en relación con los demás y reconocer aquellos en común.

### 2.6. BLAST masivo y análisis de datos.

Con un código desarrollado por Pedraza (2018) se ejecutó un BLAST masivo con 415 (total) de secuencias proteicas viables que comparó los datos cruzados de genes de resistencia de todas las especies con un *e-value* de 1.00E -06, identidad superior o

igual al 25%, y cobertura superior o igual al 40%. Los datos visualmente se reportan con matrices de ausencia/presencia de genes de resistencia a antibióticos por cepa y especie en el software RStudio. Los datos de los proteomas y las secuencias proteicas de los ARGs se procesaron en ClustalW, que sirvió para construir un dendrograma con el software TreeDyn 198.3 de Phylogeny.fr (<http://www.phylogeny.fr/>) y una tabla generada en el programa Microsoft Office Excel 365 para filtrar todos los genes repetidos en las ramas del dendrograma para mantener únicamente las secuencias de los genes totalmente distintos en al menos un aminoácido y conocer algunas de sus características generales.

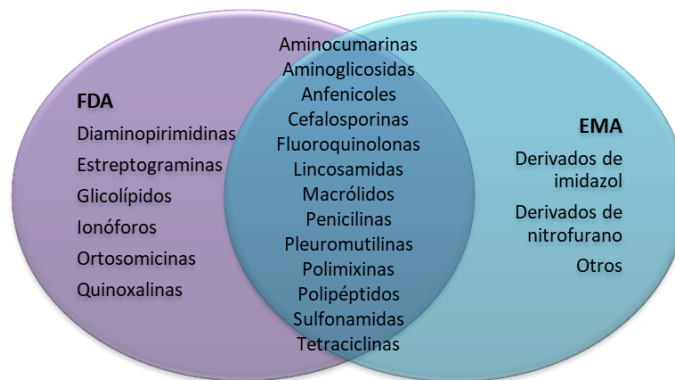
Se utilizó el archivo de texto que recopiló todas las secuencias en formato 'FASTA' y se procesó en el software ClustalW para obtener un archivo en formato 'dnd', que sirve de base para desarrollar árboles de filogenia en el software Phylogeny.fr. De este modo, se obtuvo un árbol de filogenia que permitió identificar las relaciones entre las cepas de todas las especies bacterianas y los genes que poseen. Se examinaron en profundidad las ramas del árbol para distinguir con claridad las similitudes o diferencias entre los genes, sus secuencias, y su distribución en todas las cepas. Complementariamente se construyó una tabla en Excel para filtrar todos los genes repetidos en las ramas del árbol filogenético, mantener únicamente las secuencias de los genes totalmente distintos en al menos un aminoácido y conocer algunas de sus características generales.

## CAPÍTULO III: RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 3.1. Análisis de Antibióticos en la Producción Animal.

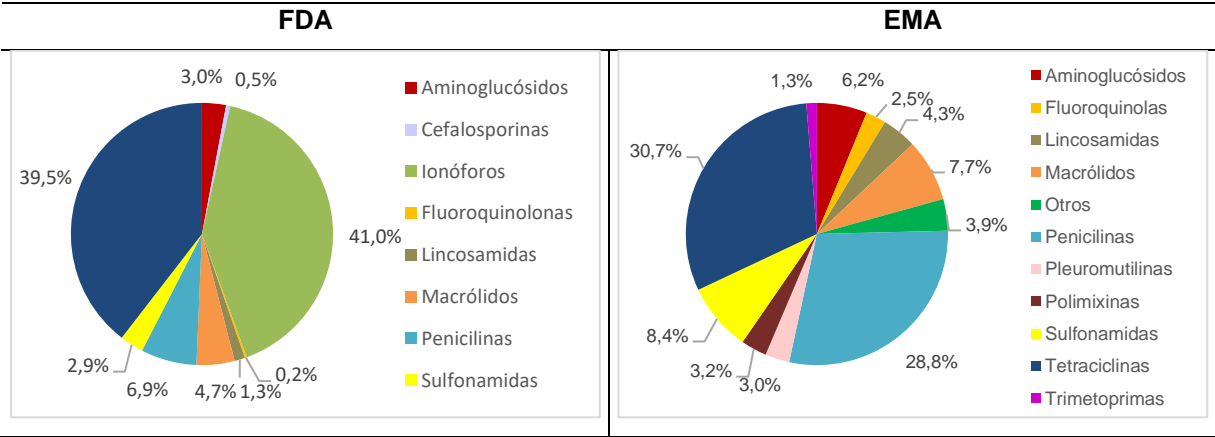
Tras una revisión inicial sobre los países de América Latina y, particularmente México, no se hallaron datos suficientes sobre la regulación de los antibióticos pecuarios en dichas regiones, pero sí se halló información de la Unión Europea y Estados Unidos de América (EMA y FDA respectivamente). Además, en contraste a la entrada en vigor de la “Estrategia Nacional de Acción contra la Resistencia a los Antimicrobianos” en 2018, se encontró además que en México actualmente no existe una ley que regule la presencia de antibióticos en productos cárnicos pues, la que había, fue abolida en el año 2014 ([SEGOB, 2014](#)).

En consecuencia, la búsqueda bibliográfica culminó con la comparación de los datos de la FDA (2020) y la EMA (2020). El primer dato comparativo fue las clases de antibióticos que cada agencia tiene aprobado para la venta en la ganadería (Figura 3), lo cual permitió evidenciar que ambas agencias comparten la mayoría de las clases de antibióticos que permiten, con algunas diferencias, posiblemente relacionadas con el rigor de las leyes de cada área geopolítica y sus directrices estratégicas para controlar la resistencia a antibióticos, siendo que Europa fue pionera en tales regulaciones ([Muurinen et al., 2021](#)).



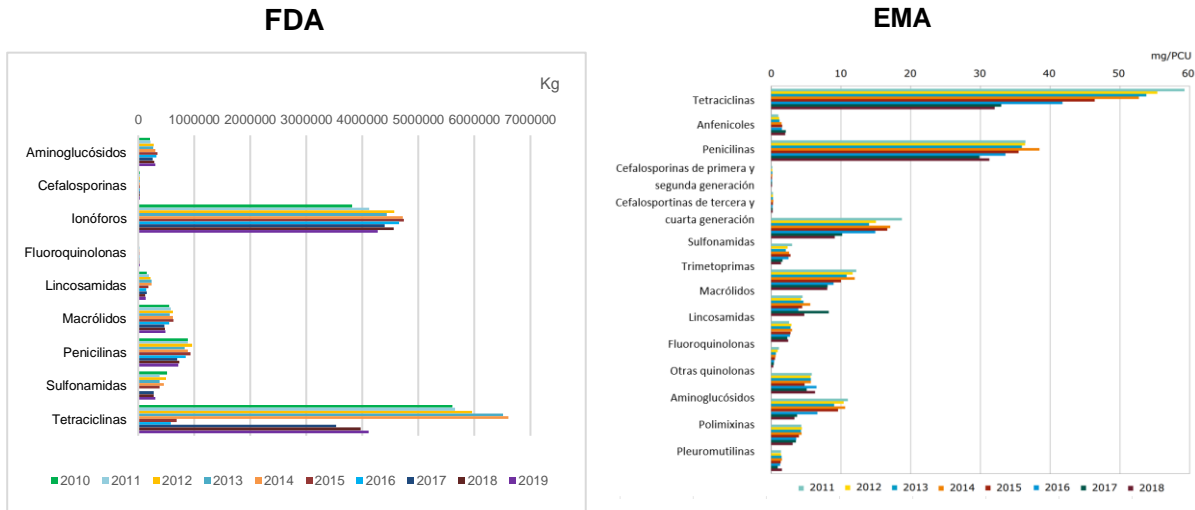
**Figura 3.** Clases de antibióticos aprobados para la venta destinada a la producción animal en EE. UU. y Europa (FDA, 2020 & EMA, 2020). **Nota:** La categoría “otros” de la EMA se compone de los siguientes antibióticos: Fosfomicina, furaltadona, natamicina, nitroxolina y espectinomicina de rifaximina.

La Figura 4 muestra una recopilación hecha para esta tesis con los datos de la distribución de las ventas de cada una de las clases de antibióticos aprobadas por la FDA (2020) y EMA (2020), expuestas anteriormente. Esto posibilita la visualización gráfica entre la mayor o menor cantidad de clases vendidas y, consecuentemente administradas en la producción animal. De modo general, se destaca una convergencia del 59% en el uso total de antibióticos; son comunes las tetraciclinas, y existe una importante diferencia entre los ionóforos y las penicilinas (antibióticos de primera generación); hecho que puede responder a que las leyes de la Unión Europea priorizan más el evitar la resistencia a antibióticos.



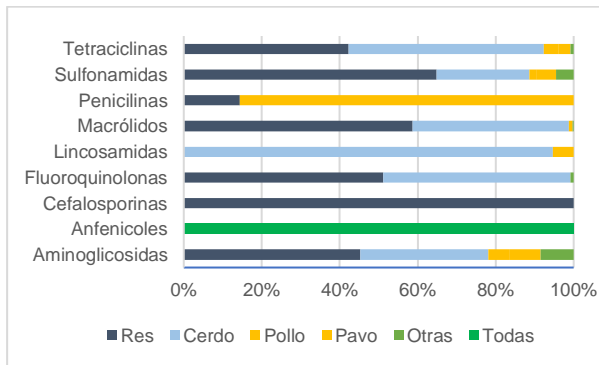
**Figura 4.** Distribución porcentual de las clases de antibióticos destinados a la producción animal y aprobados para la venta en EE. UU. y Europa (FDA, 2020 & EMA, 2020).

La Figura 5 muestra el uso de cada una de las clases de antibióticos reguladas por cada una de las dos agencias (FDA y EMA) durante un período similar. Es de observar que, si bien las unidades son distintas, las gráficas hacen posible la comparación en la importancia del uso a cada clase de antibióticos; además, tras valorar las fluctuaciones, se evidencia la reducción general neta en el uso de los antibióticos.

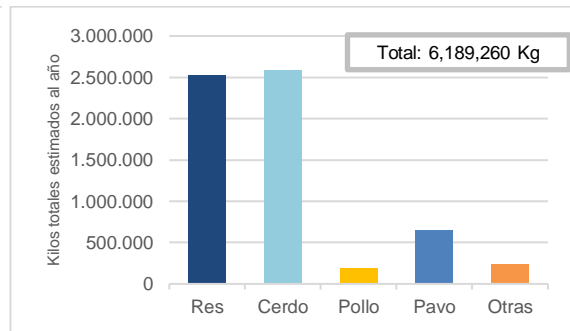


**Figura 5.** Uso de antibióticos para la producción animal en EE. UU. y Europa durante la última década (FDA, 2020 & EMA, 2020). PCU = Unidad de Corrección Poblacional (por sus siglas en inglés)

Las Figuras 6 y 7 exhiben cómo son administradas en la industria pecuaria las diferentes clases de antibióticos de importancia médica en Estados Unidos de América, de acuerdo con los datos de la FDA; se observa la importancia que tienen los cerdos y bovinos como animales receptores de antibióticos, especialmente los cerdos, que son los animales número uno en ser administrados con antibióticos.



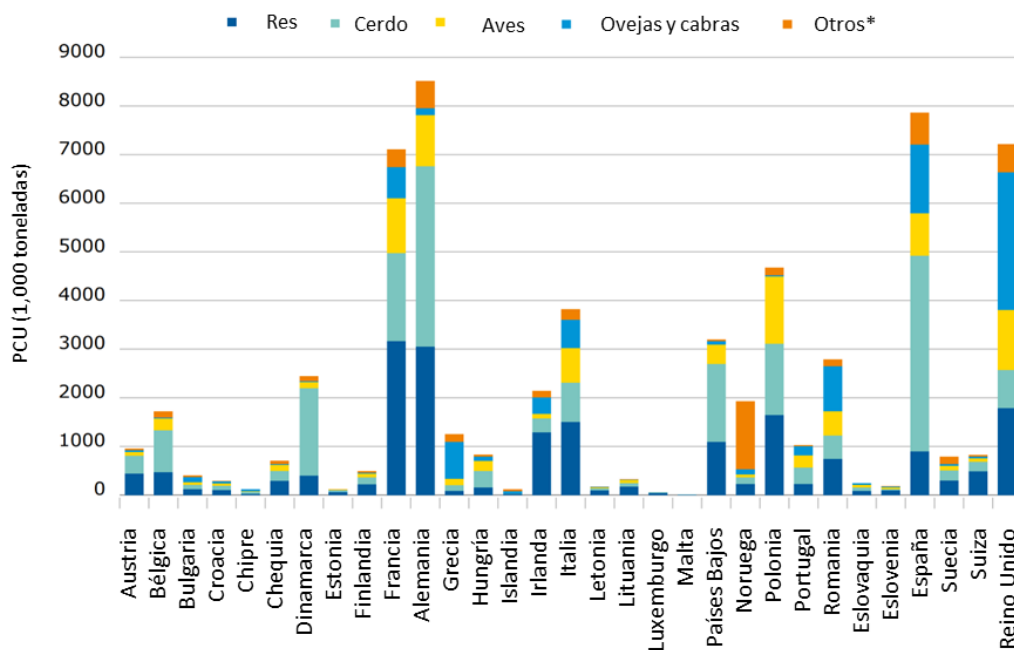
**Figura 6.** Variación porcentual de las ventas totales por cada una de las clases de antibióticos aprobados y usados para la producción animal de distintas especies, en EE. UU. en 2019 (FDA, 2020).



**Figura 7.** Venta por kilo de antibióticos aprobados y usados para la producción animal, según la especie a que son destinados, en EUA en 2019 (FDA, 2020).

**\*Otras:** Animales que no sean bovinos, porcinos, pollos y pavos, incluidas especies no productoras de alimento (p. ej., perros y caballos) y especies productoras (por ejemplo, peces).

La Figura 8 muestra el uso pecuario de los antibióticos entre los distintos países de la Unión Europea, según la especie animal productora; semejante a Estados Unidos de América, se observa que tanto los bovinos, caprinos y cerdos destacan, principalmente en los países que son grandes potencias económicas (*i.e.* Francia, Alemania, España y Reino Unido).



**Figura 8.** El denominador Unidad de Corrección Poblacional (PCU, por sus siglas en inglés) y su distribución por especies animales productoras de alimentos (1 PCU = 1 kg), por país europeo, en 2018 (EMA, 2020). \*Otros incluye caballos, peces y/o conejos.

### 3.2. Selección de Especies Bacterianas.

En otra búsqueda bibliográfica extensiva, se examinaron las bacterias entéricas de origen porcino con mayor potencial patógeno para el ser humano, y de transmisión de genes de resistencia entre los múltiples vectores posibles. La búsqueda dio como resultado los datos presentados en la Tabla 1. Dos de las cinco especies, forman parte del grupo de bacterias patógenas y multirresistentes: ESKAPE, que involucra a las especies: *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Enterobacter* spp.

**Tabla 1.** Bacterias seleccionadas para el análisis metagenómico de genes de resistencia.

Bacteria	Tinción de Gram	Familia
<i>Enterococcus faecalis</i>	Positivo	<i>Enterococcaceae</i>
<i>Enterococcus faecium</i>	Positivo	<i>Enterococcaceae</i>
<i>Escherichia coli</i>	Negativo	<i>Enterobacteriaceae</i>
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	Negativo	<i>Enterobacteriaceae</i>
<i>Salmonella entérica</i>	Negativo	<i>Enterobacteriaceae</i>

### 3.3. Determinación de los Genes de Resistencia.

Las curvas de acumulación sirvieron como base para determinar el número de cepas bacterianas por especie con que el que se trabajó, de modo que, a partir de las doce cepas iniciales, se estableció en dieciocho el número general de las cinco especies de bacterias al considerar que con esa cantidad todas alcanzan una asíntota apreciable en sus gráficas (Figura 2). Se puede notar que la especie que más cepas requirió para alcanzar las asíntotas fue *Klebsiella pneumoniae*; en tanto que el efecto opuesto ocurrió con *Salmonella enterica*, pues, como en el análisis posterior se evidencia, este comportamiento se relaciona con su mayor o menor cantidad de genes de resistencia.

En la Tabla 2 se muestra un resumen del análisis de los datos de genes de resistencia entre las cinco especies de bacterias analizadas por BLAST, el cual implicó partir inicialmente de los genomas bacterianos totales y descartar todos aquellos no pertenecientes a aislados porcinos, seguido por la selección de los genomas factibles (los cuales tuviesen secuencias completas) y finalizado por la supresión de los genomas con secuencias redundantes. Las especies están ordenadas de mayor a menor cantidad de ARGs contenidos; se observa que *K. pneumoniae* fue la especie con mayor cantidad de genes de resistencia entre todas.

**Tabla 2.** Abundancia total de ARGs y abundancia relativa con los genes redundantes excluidos entre las cinco especies de bacterias analizadas.

Especie bacteriana	Número de genomas totales	Número total de genomas de cerdo	Número de genomas factibles	Número de genes iniciales	Número de genes filtrados
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	16608	52	32	86	50
<i>Escherichia coli</i>	28924	1502	201	39	29
<i>Enterococcus faecium</i>	2755	46	41	12	11
<i>Enterococcus faecalis</i>	2211	48	31	11	9
<i>Salmonella entérica</i>	13676	221	90	9	7

Los genes de cada especie fueron analizados en Resfinder y MGE Finder y expresados en matrices de ausencia/presencia, indicados en color morado los ARGs y en color turquesa los MGEs. Con lo que respecta a *E. enterococcus* y *E. faecium* - bacterias del mismo género- (Figuras 9 y 10), se observa que comparten resistencia a aminoglucósidos (*aac(6)-aph(2)*); fenicol y anfenicol (*cat*); macrólidos (*erm(AB)*) y, tetraciclinas (*Tet M* y *Tet L*). Estos grupos de antibióticos son también de los más usados en la industria ganadera. Referente a los MGEs, las secuencias de inserción fueron el elemento común en casi la mayoría de las cepas.

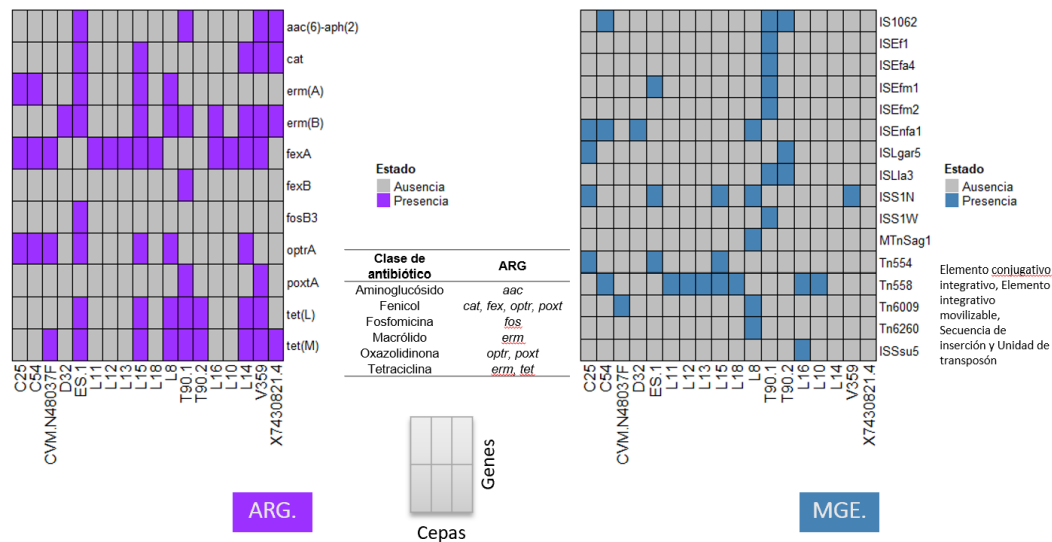


Figura 9. Presencia de ARGs y MGEs en 15 cepas de *Enterococcus faecalis* de origen porcino.

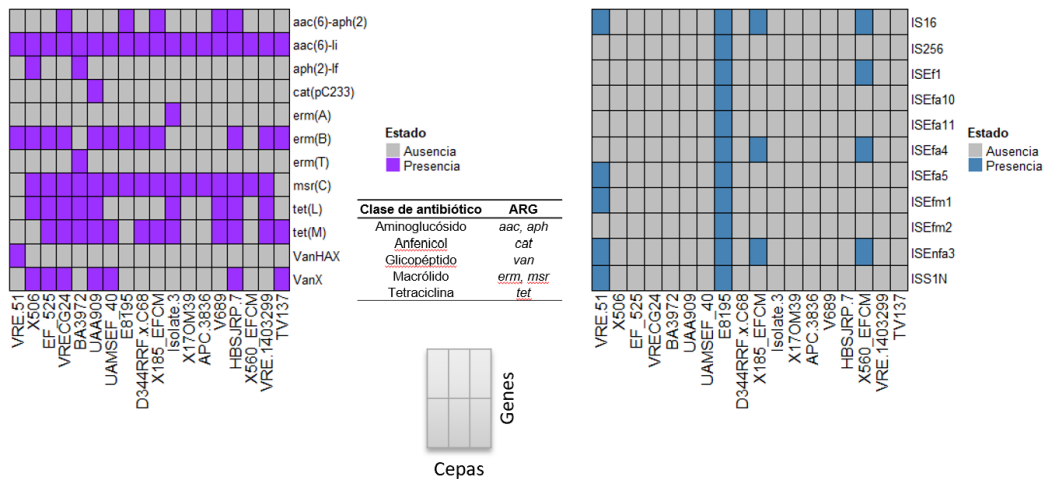
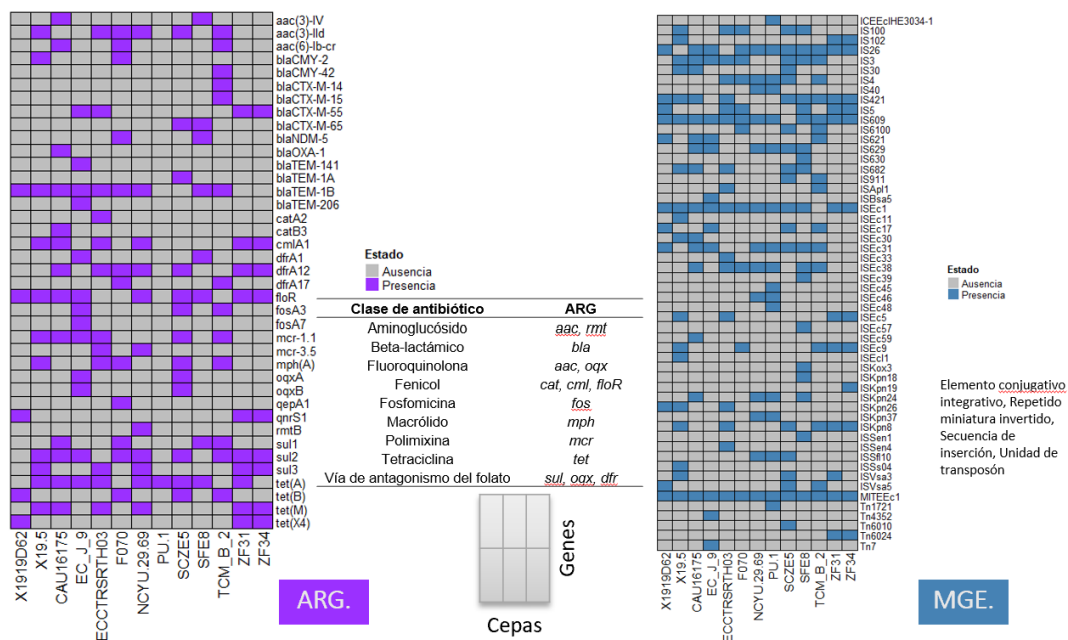


Figura 10. Presencia de ARGs y MGEs en 15 cepas de *Enterococcus faecium* de origen porcino.

En la comparación entre *E. coli* y *K. pneumoniae* (dos de las principales bacterias con multiresistencia desarrollada entre las analizadas en este estudio; Figuras 11 y 12) se distingue una gran riqueza génica en cada especie, con la presencia común de multiresistencia otorgada por diversos genes que confieren resistencia para un mismo antibiótico (aminoglucósidos, fenicoles y vía de antagonismo del folato). El grupo de genes mayormente presente en ambos casos es el *bla*, que confiere resistencia a los beta-lactámicos, debido a que ambas bacterias son productoras de beta-lactamasas de espectro extendido, como fue reportado en hospitales españoles ([Díaz et al., 2009](#)). En un estudio reciente (Peng *et al.*, 2022) se demostró la presencia de genes de resistencia a aminoglucósidos, beta-lactámicos, fenicoles, tetraciclinas, sulfonamidas, quinolonas y demás clases de antibióticos en *E. coli*, datos que coinciden con los resultados mostrados. Existen reportes sobre la presencia de genes *qnr* (resistencia al grupo de quinolonas) también en *K. pneumoniae*, como propagadores de la resistencia a antibióticos por transferencia horizontal dada su naturaleza mediada por plásmidos, que pueden ser conjugativos o integrativos (Jacoby *et al.*, 2014). Respecto a los MGE, en ambas especies bacterianas predominan las secuencias de inserción, seguidas en menor abundancia por los transposones, fueron los MGEs más detectados.



**Figura 11.** Presencia de ARGs y MGEs en 15 cepas de *Escherichia coli* de origen porcino.

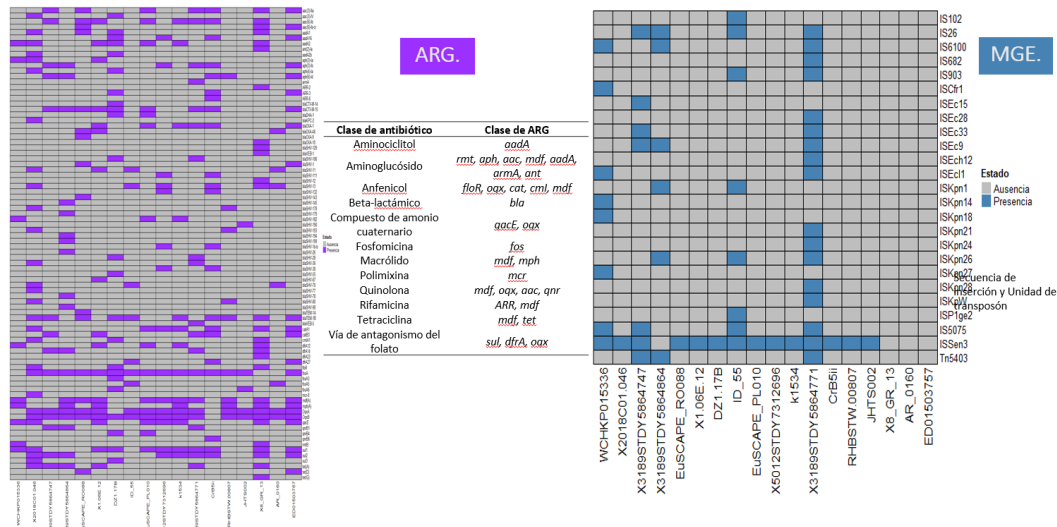


Figura 12. Presencia de ARGs y MGEs en 18 cepas de *Klebsiella pneumoniae* de origen porcino.

*S. enterica* (Figura 13) fue la bacteria con menor abundancia y riqueza génica de ARGs como de MGEs; sin embargo, prepondera la resistencia a las tetraciclinas (*tet(B)* y *tet(G)*) y una mayor presencia de secuencias de inserción por parte de los MGEs.

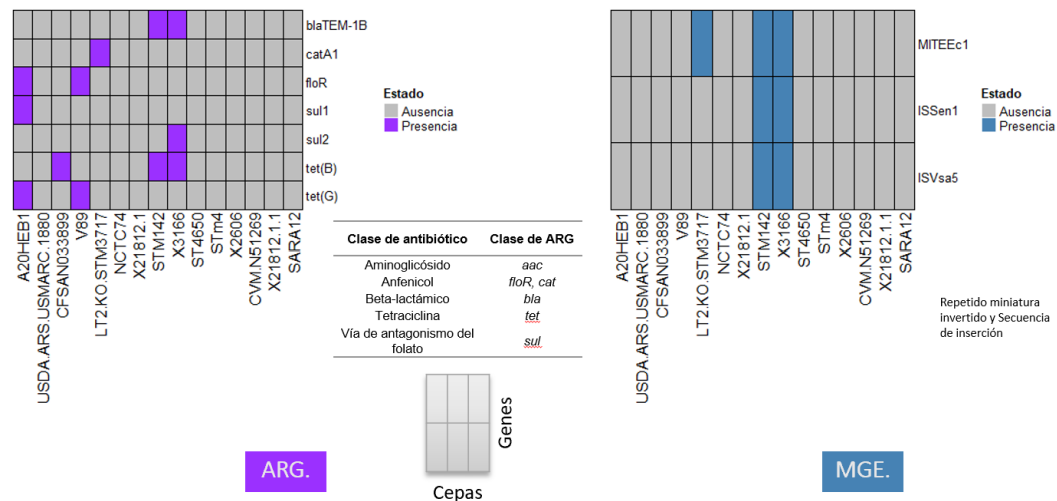
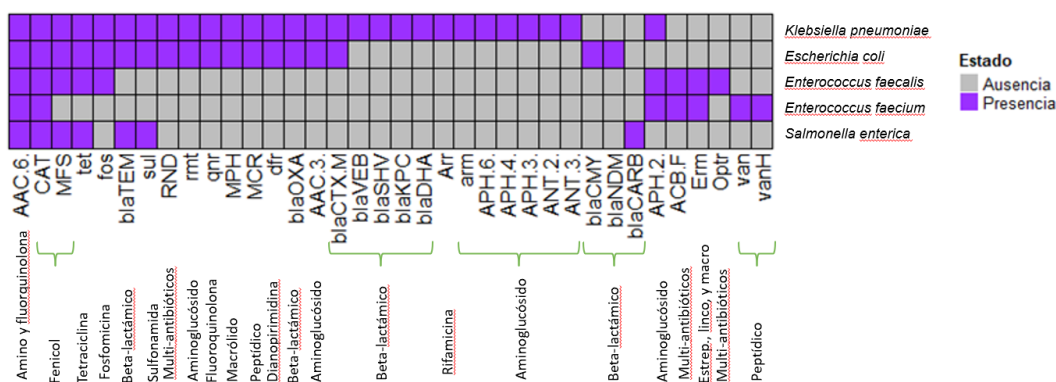


Figura 13. Presencia de ARGs y MGEs en 15 cepas de *Salmonella enterica* de origen porcino.

En el análisis de la riqueza total de familias de genes entre las cinco especies de bacterias, se determinó un total de treinta y seis: *K. pneumoniae* la de mayor abundancia relativa con veintiocho familias distintas, seguido por *E. coli* (18), *E. faecalis* (9), *E. faecium* (7) y finalmente *S. enterica* (7). En la Figura 14 se detalla la

riqueza génica de familias de ARGs entre las cinco especies de bacterias y se muestra la presencia de un gen indicada con color morado y su ausencia en color gris.



**Figura 14.** Riqueza total de familias de genes de resistencia a antibióticos en las cinco especies de bacterias analizadas. AAC= Casete de Aminoglucósido Acetiltransferasa. ACB.F= Casete ATP con Factor de Unión. ANT= Nucleotidiltransferasa de Aminoglucósido. APH= Aminoglucósido Fosfotransferasa. CAT= Cloranfenicol Acetiltransferasa. MCR= Resistencia a la Colistina Movilizada. MFS= Facilitador Familiar Mayor. MPH= Macrólido Fosfotransferasa. RND= División de Nodulación de Resistencia.

Se realizó un análisis comparativo general del total de ARGs en todas las cepas para conocer cuáles son los más abundantes (Tabla 3) (La abundancia por especie se puede observar entre los Anexos A2 a A6; la abundancia total de los 36 ARGs en el Anexo A8). Al comparar los datos mostrados en esta tabla con los datos gráficos de la FDA y EMA presentados anteriormente (Figuras 4 a 6), se evidencia una relación entre el mayor uso de antibióticos en la industria pecuaria, con la mayor resistencia para los mismos mediada por ARGs. *I.e.*, las tetraciclinas son la clase de antibióticos más usada en Estados Unidos de América y la segunda en Unión Europea; los beta-lactámicos son una clase amplia que incluye a grupos con importante uso como las cefalosporinas y las penicilinas (con uso significativo en ambas regiones) y, casi con el mismo grado de uso que los betalactámicos se encuentran los macrólidos, lincosamidas y aminoglucósidos. Aunado a ello, se halló similitud con el trabajo bioinformático de [Wang et al., 2020](#), quienes compararon el resistoma compartido entre bacterias entéricas del humano y el cerdo en China y hallaron que se compartían

veintisiete ARGs presuntamente acarreados por MGEs; tal que, entre los ARGs más importantes estuvieron *tet(M)* y *erm(B)*.

**Tabla 3.** ARGs más frecuentes en todas las cepas bacterianas, ordenados de mayor a menor.

ARG	Familia de ARG	Resistencia a
<i>tet(M)</i>	<i>Tet</i>	Tetraciclina
<i>blaTEM-1B</i>	<i>blaTEM</i>	Beta-lactámico
<i>erm(B)</i>	<i>Erm</i>	Estreptogramina, lincosamida y macrólido
<i>sul2</i>	<i>Sul</i>	Sulfonamida
<i>aac(6)-II</i>	<i>AAC(6')</i>	Aminoglucósido
<i>oqxAB</i>	<i>RND</i>	Dianopirimidina, fluoroquinolona, gliciliciclina, nitrofurano y tetraciclina
<i>msr(C)</i>	<i>ACB-F</i>	Estreptogramina, fenicol, lincosamida, macrólido, oxazolidinona, pleuromutilina y tetraciclina.
<i>sul1</i>	<i>Sul</i>	Sulfonamida
<i>tet(L)</i>	<i>Tet</i>	Tetraciclina

En la Tabla 4 se muestra la presencia y distribución de MGEs por clase dentro de las cinco especies bacterianas. Estos datos son comparables con los de [Wang et al., \(2020\)](#), cuyos resultados sobre MGEs fueron principalmente la presencia de elementos conjugativos (integrativos y movilizables) y secuencias de inserción. En esta investigación todas las bacterias tuvieron a las secuencias de inserción como predominantes, lo que podría deberse a ser cadenas cortas de material genético (menores a 2.5 Kb de ADN) que con mayor facilidad pueden ser insertadas en el ADN respecto a otros elementos de mayor tamaño ([Golubov, 2021](#)).

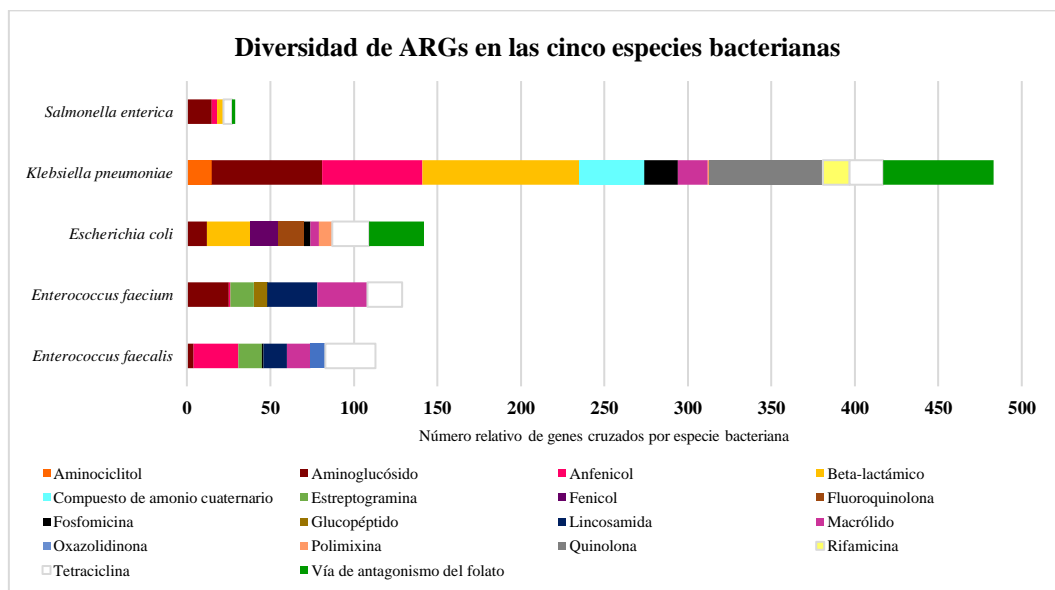
**Tabla 4.** Tipos de MGEs presentes en las cepas bacterianas analizadas en este estudio.

Clase de MGE	<i>Enterococcus faecalis</i>	<i>Enterococcus faecium</i>	<i>Escherichia coli</i>	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Salmonella entérica</i>
Elemento conjugativo integrativo (ICE)					
Elemento integrativo movilizable (IME)					
Elemento transponible de repetición invertida en miniatura (MITE)					
Secuencia de inserción (IS)					
Unidad de transposón					

### 3.4. Análisis Final.

En la presente investigación, cuando se contrasta de forma general la diversidad (relación entre riqueza y abundancia) de ARGs albergados en las bacterias analizadas, se observa un patrón que correlaciona con la cantidad de genes de resistencia distintos que cada especie bacteriana posee, puesto que *K. pneumoniae* lidera la lista de riqueza génica al tener resistencia desarrollada hacia doce distintos grupos de antibióticos y un gran número de genes asociados. Le sigue *E. coli* con resistencia hacia nueve grupos de antibióticos, *E. faecalis* hacia ocho, *E. faecium* hacia siete, y, *S. enterica* hacia cinco (Figura 15). Sin embargo, el orden cambia ligeramente al evaluar la abundancia porque, si bien *E. faecalis* tiene una mayor riqueza de ARGs, *E. faecium* tiene mayor abundancia.

Se observa que la abundancia y diversidad de las dos especies de *Enterococcus* es semejante, como pudiera esperarse debido a que son del mismo género. Como se mencionó con anterioridad, *K. pneumoniae* es de las especies bacterianas con mayor resistencia desarrollada, hecho que se rectifica en este estudio. *E. coli* es conocida por ser una bacteria cosmopolita, lo cual se demuestra con la diversidad génica de ARGs que fueron hallados en ella.



**Figura 15.** Diversidad de ARGs en las especies bacterianas analizadas. \*Varios genes proporcionan multirresistencia, por lo que el número de genes mostrado es relativo a la clase antimicrobiana para la cual genera resistencia y no es el total de ARGs que cada especie bacteriano posee.

El estudio metagenómico de seis distintos hábitats de Zhang *et al.* (2022) dio a conocer la presencia de 2561 ARGs, que confieren resistencia a 24 clases de antibióticos a partir de 4572 muestras. Ese trabajo comprobó que el 23.78% de los ARGs hallados suponen un riesgo para la salud, particularmente por aquellos que confieren multirresistencia. Asimismo, se incluyó un importante análisis que expone los patrones de distribución a los ARGs en el mundo, en tanto destacaron las regiones de primer mundo como Europa y Estados Unidos de América por tener la mayor concentración, hecho que coincide también con ser de los países con mayor producción pecuaria.

En México se tiene registro de la importancia clínica y de resistencia a antibióticos asociada a *K.pneumoniae* como productora de betalactamasas de espectro extendido y resistencia a betalactámicos como las cefalosporinas de tercera generación; *E. faecalis* y *E. faecium*, con resistencia a la ampicilina (beta-lactámico), imipenem (beta-lactámico), vancomicina (glucopéptido); así como a quinolonas por parte de *E. coli* ([Rodríguez-Noriega et al. 2014](#)).

Finalmente, a pesar de la existencia de estudios bioinformáticos para la búsqueda de ARGs con enfoques similares (*i.e*, Wang *et al.*, 2020; Peng *et al.*, 2022), esta investigación resulta innovadora al comparar los genes de resistencia a antibióticos y elementos genéticos móviles presentes en cinco especies bacterianas de interés médico y pecuario, y relacionarlas con el uso de los antibióticos para los cuales generan resistencia. Por lo tanto, se contribuye a evidenciar la relevancia de estas bacterias en torno a la resistencia antimicrobiana tanto en México como en el mundo.

## CONCLUSIONES

- El análisis sobre el uso de los antibióticos en la producción porcina, contrastado los resultados bioinformáticos hicieron posible conocer la presencia, abundancia y riqueza de los ARGs y MGEs en las cinco especies bacterianas.
- La comparación hecha para este trabajo de tesis demostró que la Administración de Alimentos y Medicamentos (FDA) y la Agencia Europea de Medicamentos (EMA) coinciden en la aprobación del 59% de las clases de antibióticos que sus directrices autorizan para la venta.
- Las clases de antibióticos más administradas en cerdos (FDA y EMA) son: aminoglucósidos, fluoroquinolonas lincosamidas, macrólidos y tetraciclinas.
- Por su número de genes de resistencia, de mayor a menor, las especies bacterianas se enlistan: *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, *Enterococcus faecium*, *Enterococcus faecalis* y *Salmonella enterica*.
- Con base en la evidencia expuesta, se observa una relación entre el número de ARGs y el uso intensivo de los grupos de antibióticos ante los cuales generan resistencia.
- Aunque en algunos casos se observó una relación entre el número de Genes de Resistencia a Antibióticos (ARGs) y el de Elementos Genéticos Móviles (MGEs), no se pudo establecer una correlación directa entre ellos.

## PERSPECTIVAS

- Realizar un análisis con nuevas herramientas bioinformáticas emergentes que contemplen un enfoque sistemático entre diversas bases de datos para rastrear la convergencia y transmisión de ARGs mediante MGEs.
- Este estudio evidencia la necesidad de promover alternativas para reducir la dispersión de los ARGs, como puede ser el desarrollo e implementación de biocarbones aplicados en los cultivos fertilizados con estiércol (que se acostumbra a utilizar en la agricultura).
- Se recomienda que los países revisen y promuevan sus legislaciones en uso veterinario de antibióticos con el objetivo de reducir la dispersión de la resistencia a antibióticos.

## REFERENCIAS

1. Arbab, S., Uliah, H., Wang, W. & Zhang, J. (2022). Antimicrobial drug resistance against *Escherichia coli* and its harmful effect on animal health. *Veterinary Medicine and Science*, 8:4, 1780-1786.
2. Bakhshi, B., Ghafari, M., Pourshafie, M.R., Zarbakhsh, B., Katouli, M., Rahbar, M., Hajia, M., Hosseini-Aliabad, N., Boustanshenas, M. (2015). Resistance-Gene Cassettes Associated With *Salmonella enterica* Genotypes, *Laboratory Medicine*, 12:10, 1221-1236.
3. Capita, R., Castaño-Arriba, A., Rodríguez-Melcón, C., Igrejas, G., Poeta, P., & Alonso-Calleja, C. (2020). Diversity, Antibiotic Resistance, and Biofilm-Forming Ability of Enterobacteria Isolated from Red Meat and Poultry Preparations. *Microorganisms*, 8(8), 1226.
4. Centers for Disease Control and Prevention. (2022). *Escherichia coli*. <https://www.cdc.gov/ecoli/index.html>
5. Center for Genomic Epidemiology. (2022). *Resfinder 4.1*. <https://cge.cbs.dtu.dk/services/ResFinder/>
6. Cloeckaert, A., Zygmunt, M. S., & Doublet, B. (2017). Editorial: Genetics of Acquired Antimicrobial Resistance in Animal and Zoonotic Pathogens. *Frontiers in microbiology*, 8, 2428.
7. Davin-Regli, A., Lavigne, J.P. & Pagès, J-M. (2019). *Enterobacter* spp.: Update on Taxonomy, Clinical Aspects, and Emerging Antimicrobial Resistance. *Clinical Microbiology Reviews*, 32:4.
8. Díaz, M.A., Hernández, J:R., Martínez-Martínez, L., Rodríguez-Baño, J. & Pascual, Á. (2009). *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* productoras de betalactamasas de espectro extendido en hospitales españoles: segundo estudio multicéntrico (proyecto GEIH-BLEE 2006). *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*; 27:9, 503-510.
9. Effah, C. Y., Sun, T., Liu, S. & Wu, Y. (2020). *Klebsiella pneumoniae*: An increasing threat to public health. *Annals of Clinical Microbiology and Antimicrobials*, 19:1.

10. European Medicines Agency. (2021). *Sales of veterinary antimicrobial agents in 31 European countries in 2019 and 2020*. [https://www.ema.europa.eu/en/documents/report/sales-veterinary-antimicrobial-agents-31-european-countries-2019-2020-trends-2010-2020-eleventh\\_en.pdf](https://www.ema.europa.eu/en/documents/report/sales-veterinary-antimicrobial-agents-31-european-countries-2019-2020-trends-2010-2020-eleventh_en.pdf)
11. Federal and Drug Administration. (2021). *Antimicrobials Sold or Distributed for Use in Food-Producing Animals*.
12. Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2022). *Animal production*. <https://www.fao.org/antimicrobial-resistance/key-sectors/animal-production/en/>
13. Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2016). *Drivers, Dynamics and Epidemiology of Antimicrobial Resistance in Animal Production*.
14. Golubov, A. (2021). Chapter 5: Genome instability in bacteria: Causes and consequences. *Genome Stability. From Virus to Human Application*, 26, 73-90.
15. Guo, M. T., Yuan, Q. B. & Yang, J. (2015). Distinguishing effects of ultraviolet exposure and chlorination on the horizontal transfer of antibiotic resistance genes in municipal wastewater. *Environ. Sci. Technol.* 49, 5771-5778.
16. Halpern, M. Waissler, A., Dror, A. & Lev-Yadun, S. (2011). Chapter 4: Biological Warfare of the Spiny Plant: Introducing Pathogenic Microorganisms into Herbivore's Tissues. *Advances in Applied Microbiology*, 74, 97-116.
17. Han, X.-M. *et al.* (2018). Antibiotic resistance genes and associated bacterial communities in agricultural soils amended with different sources of animal manures. *Soil Biol. Biochem.* 126, 91-102.
18. He, Y., Yuan, Q, Mathieu, J., Stadler, L., Senehi, N., Sun, R. & Álvarez, P.J.J. (2020). Antibiotic resistance genes from livestock waste: occurrence, dissemination, and treatment. *Npj Clean Water*, 3:4.
19. Hu, Y., Yang, X., Lv, N., Liu, F., Wu, J., Lin, I.Y.C., Wu, N., Weimer, B.C., Gao, G.F. Liu, Y. & Zhu, B. (2016). The Bacterial Mobile Resistome Transfer Network Connecting the Animal and Human Microbiomes. *Appl. Environ. Microbiol.*, 82:22, 6672-6681.

20. Jacoby, G. A., Strahilevitz, J. & Hooper, D. C. (2014). Plasmid-mediated quinolone resistance. *Microbiol. Spectr.*, 2(2).
21. Jarat, C., Tokeeree, Y. & Wattanakornsiri, A. (2021). Antibiotic Resistance Genes (ARGs) in Soil Receiving Swine Wastes in Surin Province, Thailand. *EnvironmentAsia*, 14:2, 31-39.
22. Law, A., Solano, O., Brown, C.J., Hunter, S.S., Fagnan, M., Top E. M., Stalder, T. (2021). Biosolids as a Source of Antibiotic Resistance Plasmids for Commensal and Pathogenic Bacteria. *Front. Microbiol.*, 12.
23. Lee, C., Lee, J.H., Park, K.S., Jeon, J.H., Kim, Y.B., Cha, C., Jeong, B.C. & Lee S.H. (2017). Antimicrobial Resistance of Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*: Epidemiology, Hypervirulence-Associated Determinants, and Resistance Mechanisms. *Front. Cell. Infect.*, 21.
24. Li, J., Cao, J. Zhu, Y-G., Chen, Q-L., Shen, F., Wu, Y., Xu, S., Fan, H., Da, G., Huang, R-J., Wang, J., Lorelei de Jesús, A., Morawska, L., Chan, C. K., Peccia, J. & Yao, M. (2018). Global Survey of Antibiotic Resistance Genes in Air. *Environmental Science & Technology*, 52, 10975-10984.
25. Makarov, D.A., Ivanova, O.E., Pomazkova, A.V., Egoreva, M.A., Prasolova, O.V., Lenev, S.V., Gergel, M.A., Bukova, N.K., Karabanov, S.Y. (2022) Antimicrobial resistance of commensal *Enterococcus faecalis* and *Enterococcus faecium* from food-producing animals in Russia. *Veterinary World*, 15(3): 611-621.
26. Mdegela R.H., Mwakapeje E.R., Rubegwa B, Gebeyehu D.T., Niyigena S., Msambichaka V., Nonga H.E., Antoine-Moussiaux N. & Fasina F.O. (2021). Antimicrobial Use, Residues, Resistance and Governance in the Food and Agriculture Sectors, Tanzania. *Antibiotics*, 10(4):454.
27. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. (2020). Diário Oficial Da União - Seção 1. *Governo de Brasil*. <https://pesquisa.in.gov.br/imprensa/jsp/visualiza/index.jsp?jornal=515&pagina=6&data=23/01/2020>

28. Muurinen, J., Richert, J., Wickware, C.L., Richert, B. & Johnson, T.A. (2021). Swine growth promotion with antibiotics or alternatives can increase antibiotic resistance gene mobility potential. *Sci. Rep.*, 11:5485.
29. National Health Service. (2022). Antibiotic resistance. [https://www.nhs.uk/conditions/antibiotics/antibiotic-antimicrobial-resistance/#:~:text=The%20overuse%20of%20antibiotics%20in,Clostridium%20Odifficile%20\(C.\)](https://www.nhs.uk/conditions/antibiotics/antibiotic-antimicrobial-resistance/#:~:text=The%20overuse%20of%20antibiotics%20in,Clostridium%20Odifficile%20(C.)).
30. Pedraza, Y. (2018). *Análisis Bioinformático de Bacteriocinas en el Género Burkholderia y Desarrollo de una Herramienta de Análisis Masivo de Datos de Secuencias*. (Tesis para obtener el grado de Doctor en Ciencias (Microbiología), Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, México).
31. Peng, Z., Hu, Z., Li, Z., Zhang, X., Jia, C., Li, T., Dai, M., Tan, C., Xu, Z., Wu, B., Chen, H. & Wang, X. (2022). Antimicrobial resistance and population genomics of multidrug-resistant *Escherichia coli* in pig farms in mainland China. *Nature*, 13, 1116.
32. Rodríguez-Noriega E., León-Garnica, G., Petersen-Morfín, S., Pérez-Gómez, H. R., González-Díaz, E. & Morfín-Otero, R. (2014). La evolución de la resistencia bacteriana en México, 1973-2013. *Biomédica*, 34, 181-190.
33. Rose, E.C., Blikslager, A.T. & Ziegler, A.L. (2022). Porcine Models of the Intestinal Microbiota: The Translational Key to Understanding How Gut Commensals Contribute to Gastrointestinal Disease. *Front. Vet. Sci.*, 83:4598.
34. Secretaría de Gobernación. (2014). Diario Oficial de la Federación. *Gobierno de México*.  
[https://dof.gob.mx/nota\\_detalle.php?codigo=5363349&fecha=09/10/2014#gsc.tab=0](https://dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5363349&fecha=09/10/2014#gsc.tab=0)
35. Secretaría de Gobernación. (2018). Diario Oficial de la Federación. *Gobierno de México*.  
[https://dof.gob.mx/nota\\_detalle.php?codigo=5525043&fecha=05/06/2018#gsc.tab=0](https://dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5525043&fecha=05/06/2018#gsc.tab=0)

36. Silbergleit, M., Vasquez, A. Miller, C.J., Sun, J. & Kato, I. (2020). Chapter 5: Oral and intestinal bacterial exotoxins: Potencial linked to carcinogenesis. *Progress in Molecular Biology and Translational Science*, 171:131-193.
37. Torres, C., Alonso, C. A., Ruiz-Ripa, L., León-Sampedro, R., Del Campo, R. & Coque, T. M. (2018). Antimicrobial Resistance in *Enterococcus* spp. of animal origin. *Microbiology Spectrum*, 6(4), 6-24.
38. United States Department of Agriculture. (2022). *Livestock and Poultry: World Markets and Trade*.
39. Van Tyne D., Martin M.J. & Gilmore M.S. (2013). Structure, function, and biology of the *Enterococcus faecalis* cytolysin. *Toxins (Basel)*, 29;5(5):895-911.
40. Ventola, C.L. (2015). The Antibiotic Resistance Crisis. *P.T.*, 40:4, 277-283.
41. Vila, J., Sáez-López, E., Johnson, J.R., Römling, U., Dobrindt, U., Cantón, R., Giske, C.G., Naas, T., Carattoli, A., Martínez-Medina, M., Bosch, J., Retamar, P., Rodríguez-Baño, J., Baquero, F. & Soto S.M. (2016). *Escherichia coli*: An old friend with new tidings. *FEMS Microbiology Reviews*, 40:4, 437-463.
42. Wang, C., Song, Y., Tang, N., Zhang, G., Leclercq, S. O., & Feng, J. (2020). The shared resistome of human and pig microbiota is mobilized by distinct genetic elements. *Applied and environmental microbiology*, 87(5), 01910-20.
43. Wang, M. & Donovan, S.M. (2015). Human microbiota-associated swine: Current progress and future opportunities. *ILAR J.*, 56(1):63-73.
44. Wang, X., Xe, Y., Cai, H., Duan, S., Song, X., Wu, Y., Fang, T., Dong, Q. & Liu, H. (2021). Growth and survival characteristics of *Salmonella enterica* regarding antibiotic resistance phenotypes. *LWT*, 149, 111872.
45. World Health Organization. (2017). Stop using antibiotics in healthy animals to prevent the spread of antibiotic resistance. <https://www.who.int/news/item/07-11-2017-stop-using-antibiotics-in-healthy-animals-to-prevent-the-spread-of-antibiotic-resistance>
46. World Health Organization (2020). *Antibiotic resistance*. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/antibiotic-resistance>

47. Wyres, K. L. & Holt, K. E. (2018). *Klebsiella pneumoniae* as a key trafficker of drug resistance genes from environmental to clinically important bacteria. *Curr. Opin. Microbiol.* 45:131-139.
48. Xiong, W., Sun, Y., Ding, X., Wang, M. & Zeng, Z. (2015). Selective pressure of antibiotics on ARGs and bacterial communities in manure-polluted freshwater-sediment microcosms. *Sec. Aquatic Microbiology.*
49. Yang, F., Han, B., Gu, Y. & Zhang, K. (2020). Swine liquid manure: A hotspot of mobile genetic elements and antibiotic resistance genes. *Scientific Reports*, 10:15037.
50. Yao., L. Li, Y., Li, Z., Shen, D., Feng, H., Zhou, H. & Wang, M. (2020). Prevalence of fluoroquinolone, macrolide and sulfonamide-related resistance genes in landfills from East China, mainly driven by MGEs. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 190, 110131.
51. Yuan, Q. B., Zhai, Y. F., Mao, B. Y., Schwarz, C. & Hu, N. (2019). Fates of antibiotic resistance genes in a distributed swine wastewater treatment plant. *Water Environ. Res.* <https://doi.org/10.1002/wer.1125>
52. Zhang, G. & Feng, J. (2016). The intrinsic resistance of bacteria. *Yi Chuan*, 20;38(10):872-880.
53. Zhang, Z., Zhang, Q., Wang, T., Xu, N., Lu, T., Hong, W., Penueles, J., Gillings, M., Wang, M., Gao, W. & Qian, H. (2022). Assessment of global health risk of antibiotics resistance genes. *Nature*, 13, 1553.

## ANEXOS

### A. Tablas

Anexo A1. Bitácora de búsqueda bibliográfica.

BITÁCORA DE BÚSQUEDAS				
Motor de búsqueda	Fecha	Ecuación	Número de resultados	Resultados relevantes
Baidu	Abril 03, 2021	taiwan food and drug administration antimicrobials use food animal	906.000	1. <a href="https://www.nap.edu/read/5137/chapter/4">https://www.nap.edu/read/5137/chapter/4</a>
Google	Abril 02, 2021	uso de antibióticos animal en México	3.070.000	1. <a href="https://www.redalyc.org/pdf/724/72430206.pdf">https://www.redalyc.org/pdf/724/72430206.pdf</a>
Google	Abril 28, 2021	grupo porcicola mexicano  "keken" +"numero de cerdos"  "número de cabezas"	18	Ninguno
Google	Abril 28, 2021	"promotora comercial alpro"  "norson" +"numero de cerdos"  "número de cabezas"	23	Ninguno
Google	Abril 28, 2021	kowi  "kowi foods" +"numero de cerdos"  "número de cabezas"	33	Ninguno
Google Académico	Mayo 01, 2021	lodos residuales tratamiento +"laguna" +"porcino"  "cerdo"  "porcícola" +"mexico"	88	1. Biogás a partir de la biodigestión de lodos del tratamiento de aguas residuales con estiércol de ganado vacuno de la ciudad de Trujillo, 2020 (upn.edu.pe)
Google Académico	Mayo 01, 2021	lodos residuales tratamiento +"laguna" +"ganado" +"mexico"	387	Ninguno
Scopus	Mayo 01, 2021	sewage AND swine AND lagoon OR pork OR cattle	29	1. <a href="https://www.karger.com/Article/FullText/479108">https://www.karger.com/Article/FullText/479108</a>
Scopus	Mayo 01, 2021	sludge AND swine AND lagoon OR pork OR cattle	9	1. <a href="https://www-sciencedirect-com.proxydgb.buap.mx/science/article/abs/pii/S0048969713006682?via%3Dihub">https://www-sciencedirect-com.proxydgb.buap.mx/science/article/abs/pii/S0048969713006682?via%3Dihub</a>
Google Académico	Mayo 02, 2021	swine sewage  sludge +mexico  pork +lagoon	845	1. Effect of carbon source on pollutant removal and microbial community dynamics in treatment of swine wastewater containing antibiotics by aerobic granular sludge - ScienceDirect
Google	Mayo 02, 2021	antibioticos cerdo  "ganaderia" +"uso"  "administracion" +"mexico"	87.800	Ninguno

Google Académico	Mayo 04, 2021	arg  "mge" +swine +sludge	2250	1. <a href="https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0048969713006682">https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0048969713006682</a>
Google Académico	Mayo 04, 2021	arg  "mge" +swine +sludge +mexico	233	Ninguno
Scopus	Mayo 04, 2021	swine AND lagoon AND arg OR mge AND mexico OR pork OR sludge	0	Ninguno
Google	Mayo 21, 2021	difference between fda and ema AND"animal" AND"antibiotic"	299.000	The U.S. and EU Animal Pharmaceutical Industries in the Age of Antibiotic Resistance (usda.gov)
Google	Mayo 21, 2021	difference between fda and ema AND"animal"	1.700.000	Drugs and Devices: Comparison of European and U.S. Approval Processes - ScienceDirect
Google	Mayo 21, 2021	pharmaceutical boom united states	4.800.000	15 Astonishing Statistics and Facts about U.S. Pharmaceutical Industry (pharmapproach.com)
Google	Mayo 21, 2021	animal +antibiotics +"environment"	454	Veterinary Antibiotics in the Environment   IntechOpen
Google	Mayo 21, 2021	antimicrobial adsorption +"route administration" +animals	26.600	1. i6209e.pdf (fao.org) 2. <a href="https://link.springer.com/article/10.1007/s40726-016-0037-1">https://link.springer.com/article/10.1007/s40726-016-0037-1</a> 3. <a href="https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1018364719318257">https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1018364719318257</a>
Google	Mayo 30, 2021	swine sludge manure +"resistance" +"genes"	114.000	1. <a href="https://www.researchgate.net/publication/42370038_Sewage_sludge_and_pig_manure_as_possible_sources_of_antibiotic_resistant_bacteria">https://www.researchgate.net/publication/42370038_Sewage_sludge_and_pig_manure_as_possible_sources_of_antibiotic_resistant_bacteria</a> 2. <a href="https://www.nature.com/articles/s41598-020-72149-6#MOESM1">https://www.nature.com/articles/s41598-020-72149-6#MOESM1</a> 3. <a href="https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7558842/">https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7558842/</a> 4. <a href="https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0048969720368182">https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0048969720368182</a>

Google	Mayo 30, 2021	swine sludge manure + "resistance" + "genes" + "bacteria"	99.100	1. <a href="https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1755-1315/237/5/052010/pdf">https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1755-1315/237/5/052010/pdf</a> 2. <a href="https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0960852420310920">https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0960852420310920</a>
Jane Biosemantics	Agosto 26, 2021	Abstract del artículo	No se especifica	<a href="https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33918676/">https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33918676/</a>
Taylor & Francis	Septiembre 08, 2021	biochar cattle AND antibiotics	20	1. <a href="https://www.tandfonline.com/proxydgb.buap.mx/doi/full/10.1080/10643389.2020.1835438">https://www.tandfonline.com/proxydgb.buap.mx/doi/full/10.1080/10643389.2020.1835438</a> 2. <a href="https://www.tandfonline.com/proxydgb.buap.mx/doi/full/10.1080/10643389.2020.1862550">https://www.tandfonline.com/proxydgb.buap.mx/doi/full/10.1080/10643389.2020.1862550</a> 3. <a href="https://www.tandfonline.com/proxydgb.buap.mx/doi/full/10.1080/10643389.2020.1777815">https://www.tandfonline.com/proxydgb.buap.mx/doi/full/10.1080/10643389.2020.1777815</a>
Annual Reviews	Septiembre 10, 2021	swine antibiotic sludge agriculture	6	<a href="https://www.annualreviews.org/doi/abs/10.1146/annurev-environ-012110-121302">https://www.annualreviews.org/doi/abs/10.1146/annurev-environ-012110-121302</a>
Google	Octubre 05, 2021	normas +antibióticos" +"américa latina"	74.200	<a href="https://www.paho.org/es/file/30525/download?token=TZmXH4zH">https://www.paho.org/es/file/30525/download?token=TZmXH4zH</a>
Google	Octubre 05, 2021	normas +antibióticos" +"animal" +"américa latina"	4.600	1. Resistencia Antimicrobiana en Producción Animal - OPS/OMS   Organización Panamericana de la Salud (paho.org) 2. <a href="http://www.scielo.org.co/pdf/inf/v22n2/0123-9392-inf-22-02-00110.pdf">http://www.scielo.org.co/pdf/inf/v22n2/0123-9392-inf-22-02-00110.pdf</a> 3. <a href="https://www.foodnewslatam.com/productos/28-carnicos/7570-an%C3%A1lisis-y-perspectivas-de-la-ganader%C3%ADa-en-am%C3%A9rica-latina.html">https://www.foodnewslatam.com/productos/28-carnicos/7570-an%C3%A1lisis-y-perspectivas-de-la-ganader%C3%ADa-en-am%C3%A9rica-latina.html</a> 4. <a href="https://www.who.int/drugresistance/SpGlobal2.pdf">https://www.who.int/drugresistance/SpGlobal2.pdf</a>

Google	Octubre 05, 2021	normas +antibióticos" +"animal" +"México"	78.500	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. <a href="https://www.insp.mx/images/stories/Lineas/medicamentos/doc/acciones_antibioticos.pdf">https://www.insp.mx/images/stories/Lineas/medicamentos/doc/acciones_antibioticos.pdf</a></li> <li>2. <a href="https://normateca.agricultura.gob.mx/sites/default/files/normateca/Documentos/SENASICA%20NORM%20145.pdf">https://normateca.agricultura.gob.mx/sites/default/files/normateca/Documentos/SENASICA%20NORM%20145.pdf</a></li> <li>3. <a href="http://dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=4882799&amp;fecha=10/10/1995">http://dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=4882799&amp;fecha=10/10/1995</a></li> <li>4. <a href="http://dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5363349&amp;fecha=09/10/2014">http://dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5363349&amp;fecha=09/10/2014</a></li> <li>5. <a href="https://www.gob.mx/senasi/ca/acciones-y-programas/regulacion-de-productos-veterinarios">https://www.gob.mx/senasi/ca/acciones-y-programas/regulacion-de-productos-veterinarios</a></li> <li>6. <a href="http://dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5525043&amp;fecha=05/06/2018">http://dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5525043&amp;fecha=05/06/2018</a></li> <li>7. <a href="https://normateca.agricultura.gob.mx/">https://normateca.agricultura.gob.mx/</a></li> </ol>
Google	Octubre 06, 2021	normas +antibióticos" +"animal" +"Brasil"	41.500	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. Brasil prohíbe el uso de antibióticos como promotores del crecimiento - Noticias - 3tres3, la página del Cerdo</li> <li>2. <a href="https://rumiantes.com/prohibicion-algunos-antibioticos-alimentacion-animal-brasil/">https://rumiantes.com/prohibicion-algunos-antibioticos-alimentacion-animal-brasil/</a></li> </ol>
Google	Octubre 06, 2021	normas +antibióticos" +"animal" +"Chile"	42.100	<ol style="list-style-type: none"> <li>1. verDoc.aspx (camara.cl)</li> <li>2. <a href="https://obtienearchivo.bcn.cl/obtienearchivo?id=repositorio/10221/32143/1/Regulacion_antibioticos_en_carneas.pdf">https://obtienearchivo.bcn.cl/obtienearchivo?id=repositorio/10221/32143/1/Regulacion_antibioticos_en_carneas.pdf</a></li> <li>3. <a href="http://www.sernapesca.cl/sites/default/files/manual_de_buenas_practicas_20210217.pdf">http://www.sernapesca.cl/sites/default/files/manual_de_buenas_practicas_20210217.pdf</a></li> </ol>

Google	Octubre 06, 2021	normas +antibióticos" +"animal" +"Argentina"	42.500	<p>1. Está prohibido elaborar alimentos para animales con antibióticos   Argentina.gob.ar</p> <p>2. <a href="http://servicios.infoleg.gob.ar/infolegInternet/anexos/245000-249999/248651/norma.htm">http://servicios.infoleg.gob.ar/infolegInternet/anexos/245000-249999/248651/norma.htm</a></p>
Google	Octubre 06, 2021	normas +antibióticos" +"animal" +"Colombia"	42.800	<p>1. <a href="https://www.ica.gov.co/noticias/el-ica-y-organismos-internacionales-unidos-por-el">https://www.ica.gov.co/noticias/el-ica-y-organismos-internacionales-unidos-por-el</a></p> <p>2. <a href="https://www.funcionpublica.gov.co/eva/gestornormativo/norma.php?i=84701">https://www.funcionpublica.gov.co/eva/gestornormativo/norma.php?i=84701</a></p> <p>3. <a href="https://www.minsalud.gov.co/sites/rid/Lists/BibliotecaDigital/RIDE/VS/MET/plan-respuesta-resistencia-antimicrobianos.pdf">https://www.minsalud.gov.co/sites/rid/Lists/BibliotecaDigital/RIDE/VS/MET/plan-respuesta-resistencia-antimicrobianos.pdf</a></p>
Scopus	Marzo 22, 2022	antimicrobial AND resistance AND genes AND swine OR pork OR porcine OR antibiotic OR arg AND gastrointestinal AND infection AND bioinformatics AND genomes		<p>1. Exploring human host-microbiome interactions in health and disease - How to not get lost in translation.</p> <p>2. Translating 'big data': Better understanding of host-pathogen interactions to control bacterial foodborne pathogens in poultry.</p> <p>3. The challenge and potential of metagenomics in the clinic.</p>
Google	Abril 10, 2022	livestock antibiotic resistance growth promotion		<p>Swine growth promotion with antibiotics or alternatives can increase antibiotic resistance gene mobility potential   Scientific Reports (nature.com)</p>

**Anexo A2.** Comparación de ARG predominantes en *Enterococcus faecalis*.

<b><i>Enterococcus faecalis</i></b>		
ARG	Grupo de ARG	Resistencia a
<i>fexA</i>	<i>MFS</i>	Fenicol
<i>erm(B)</i>	<i>Erm</i>	Estreptogramina, lincosamida y macrólido
<i>tet(M)</i> <i>tet(L)</i>	<i>tet</i>	Tetraciclina
<i>optrA</i>	<i>Optr</i>	Estreptogramina, fenicol, lincosamida, macrólido, oxazolidinona, pleuromutilina y tetraciclina.

**Anexo A3.** Comparación de ARG predominantes en *Enterococcus faecium*.

<b><i>Enterococcus faecium</i></b>		
ARG	Grupo de ARG	Resistencia a
<i>aac(6')-II</i>	<i>AAC(6')</i>	Aminoglucósido
<i>msr(C)</i>	<i>ACB-F</i>	Estreptogramina, fenicol, lincosamida, macrólido, oxazolidinona, pleuromutilina y tetraciclina.
<i>erm(B)</i>	<i>Erm</i>	Estreptogramina, lincosamida y macrólido
<i>tet(M)</i>	<i>tet</i>	Tetraciclina
<i>tet(L)</i>	<i>tet</i>	Tetraciclina

**Anexo A4.** Comparación de ARG predominantes en *Escherichia coli*.

<b><i>Escherichia coli</i></b>		
ARG	Grupo de ARG	Resistencia a
<i>blaTEM-1B</i>	<i>blaTEM</i>	Beta-lactámico
<i>floR</i>	<i>floR</i>	Fenicol
<i>sul2</i>	<i>Sul</i>	Sulfonamida
<i>tet(A)</i>	<i>Tet</i>	Tetraciclina
<i>dfrA12</i>	<i>Dfr</i>	Dianopirimidina

**Anexo A5:** Comparación de ARG predominantes en *Klebsiella pneumoniae*.

<b><i>Klebsiella pneumoniae</i></b>		
ARG	Grupo de ARG	Resistencia a
<i>OqxB</i> <i>OqxA</i>	<i>RND</i>	Dianopirimidina, fluoroquinolona, glicilglicina, nitrofurano y tetraciclina.
<i>fosA</i>	<i>fos</i>	Fosfomicina
<i>mdf(A)</i>	<i>MFS</i>	Macrólido
<i>sul1</i>	<i>sul</i>	Sulfonamida

**Anexo A6.** Comparación de ARG predominantes en *Salmonella enterica*.

<b><i>Salmonella enterica</i></b>		
<b>ARG</b>	<b>Grupo de ARG</b>	<b>Resistencia a</b>
<i>aac(6')-Iaa</i>	<i>AAC(6')</i>	Aminoglucósido
<i>tet(B)</i>	<i>tet</i>	Tetraciclina
<i>blaCARB-2</i>	<i>blaCARB</i>	Beta-lactámico
<i>blaTEM-1B</i>	<i>blaTEM</i>	
<i>floR</i>	<i>floR</i>	Anfenicol

**Anexo A7.** Datos de todas las cepas bacterianas analizadas.

<b>Organism</b>	<b>Strain</b>	<b>Isolation source</b>	<b>Host</b>	<b>db_xref</b>	<b>Country</b>	<b>Collection date</b>
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	19110124	Anal swab	swine	taxon:573	China:henan	2019-06
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	606B	fecal swab	pig	taxon:573	Brazil: Minas Gerais State	2012
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1101433	Feces	swine	taxon:573	Belgium	07-Feb-2018
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	RGF4-1	Feces	swine	taxon:573	China: Nantong, Jiangsu province	2019-05
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	RGF15-2-1	feces	swine	taxon:573	China: Nantong, Jiangsu province	2019-05
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	RGF105-1	feces	swine	taxon:573	China: Nantong, Jiangsu province	2019-05
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	RGF140-1	feces	swine	taxon:573	China: Nantong, Jiangsu province	2019-05
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	YTF18-2	feces	swine	taxon:573	China: Yangzhou, Jiangsu province	2020-07
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	YTF53-1	feces	swine	taxon:573	China: Yangzhou, Jiangsu province	2020-07
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	JP20	feces	Swine	taxon:573	China:Chang chun	2018
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	930	feces	pig	taxon:573	China: Hunan province	2019-10
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	CVUAS 1701	feces	pig	taxon:573	Germany	2006

<i>Klebsiella pneumoniae</i>	CVUAS 11252	feces	Pork	taxon:573	Germany	2016
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	CVUAS 11213	feces	Pork	taxon:573	Germany	2016
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	CVUAS 10863.3	feces	pig	taxon:573	Germany	2017
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	CVUAS 11744.2	feces	pig	taxon:573	Germany	2017
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	CVUAS 30301	feces	pig	taxon:573	Germany	2017
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	K-1L	feces	swine	taxon:573	China:Guangxi	2019-05-12
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	ECCTRSRT H01	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:573	Thailand: Nakhon Pathom	2016-06-15
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	KPCTRSRT H08	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:573	Thailand: Nakhon Pathom	2016-11-18
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	PN030E4	nares	pig	taxon:573	Cameroon: Yaounde	Mar-2016
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	PN089E1	nares	pig	taxon:573	Cameroon: Yaounde	Mar-2016
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	PN085E1IA	nares	pig	taxon:573	Cameroon: Yaounde	Mar-2016
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	ZYST1	nares	pig	taxon:573	China	Sep-2017
<i>Klebsiella pneumoniae</i> subsp. <i>pneumoniae</i>	KPSW+01	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:72407	Thailand: Lamphun	2015-03-08
<i>Klebsiella pneumoniae</i> subsp. <i>pneumoniae</i>	KPSW+02	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:72407	Thailand: Lamphun	2015-03-08
<i>Klebsiella pneumoniae</i> subsp. <i>pneumoniae</i>	KPSW+03	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:72407	Thailand: Lamphun	2015-03-08
<i>Klebsiella pneumoniae</i> subsp. <i>pneumoniae</i>	KPCTRSRT H02	Rectal swab	Swine	taxon:72407	Thailand: Chachoengsao	2016-08-11
<i>Klebsiella pneumoniae</i> subsp. <i>pneumoniae</i>	KPCTRSRT H06	Rectal swab	Swine	taxon:72407	Thailand: Nakhon Pathom	2016-10-04
<i>Klebsiella pneumoniae</i> subsp. <i>pneumoniae</i>	KPCTRSRT H07	Rectal swab	Swine	taxon:72407	Thailand: Nakhon Pathom	2016-11-04
<i>Klebsiella pneumoniae</i> subsp. <i>pneumoniae</i>	KPCTRSRT H09	Rectal swab	Swine	taxon:72407	Thailand: Nakhon Pathom	2016-12-18

<i>Klebsiella pneumoniae</i> subsp. <i>pneumoniae</i>	KPCTRSRT H01	Rectal swab	Swine	taxon:72407	Thailand: Nakhon Pathom	2016-08-01
<i>Escherichia coli</i> 2.3916	2,3916	Rectal swab	pig	taxon:869688	Thailand: Nakhon Pathom	2016-08-01
<i>Escherichia coli</i> 9.1649	9,1649	Rectal swab	pig	taxon:869685	Thailand: Nakhon Pathom	2016-08-01
<i>Escherichia coli</i> AI27	AI27	feces	pig	taxon:1089445	South Korea	2016-08-01
<i>Escherichia coli</i> B41	B41	feces	pig	taxon:869694	USA	1980
<i>Escherichia coli</i>	NCTC10674	feces	pig	taxon:562	USA	1980
<i>Escherichia coli</i>	pV01-15-R02-025-053	feces	pig	taxon:562	South Korea: Gyeongsang buk-do	2015-12-31
<i>Escherichia coli</i>	STB20-1	feces	pig	taxon:562	China: Jiangsu	2017-08
<i>Escherichia coli</i>	SFE8	feces from pig	swine	taxon:562	China: Sichuan	2019-06-25
<i>Escherichia coli</i>	SCZE5	feces from pig	swine	taxon:562	China: Sichuan	2019-06-27
<i>Escherichia coli</i>	CP131_Sichuan	slaughter house	pig	taxon:562	China: Sichuan	Jul-2016
<i>Escherichia coli</i>	CP66-6_Sichuan	slaughter house	pig	taxon:562	China: Sichuan	Jul-2016
<i>Escherichia coli</i>	CP61_Sichuan	slaughter house	pig	taxon:562	China: Sichuan	Jul-2016
<i>Escherichia coli</i>	CP8-3_Sichuan	slaughter house	pig	taxon:562	China: Sichuan	Jul-2016
<i>Escherichia coli</i>	CP55_Sichuan	slaughter house	pig	taxon:562	China: Sichuan	Jul-2016
<i>Escherichia coli</i>	16EC	fecal swab	pig	taxon:562	China: Shenzhen	20-Jan-2018
<i>Escherichia coli</i>	SLPE	lung	swine	taxon:562	China: Changchun	2014
<i>Escherichia coli</i>	EC4	lung	swine	taxon:562	China	2016
<i>Escherichia coli</i>	EC6	lung	swine	taxon:562	China	2016
<i>Escherichia coli</i>	EC9	lung	swine	taxon:562	China	2017
<i>Escherichia coli</i>	EC10	lung	swine	taxon:562	China	2018
<i>Escherichia coli</i>	EC13	lung	swine	taxon:562	China	2016
<i>Escherichia coli</i>	K_EC180	feces	swine	taxon:562	South Korea	2019-07-17
<i>Escherichia coli</i>	PPECC42	lung	pig	taxon:562	China: Hunan	2006
<i>Escherichia coli</i>	ZWW-1	feces	pig	taxon:562	China: Yunnan	2018-04-12

<i>Escherichia coli</i>	ZB-1	feces	pig (Saba)	taxon:56 2	China: Yunnan	2018-03-16
<i>Escherichia coli</i>	GDB8P65M	feces	pig	taxon:56 2	China: Qinyuan City, Guangdong Province	02-Nov- 2018
<i>Escherichia coli</i>	GDB8P70M	feces	pig	taxon:56 2	China: Qinyuan City, Guangdong Province	02-Nov- 2018
<i>Escherichia coli</i>	GDB8P77M	feces	pig	taxon:56 2	China: Qinyuan City, Guangdong Province	02-Nov- 2018
<i>Escherichia coli</i>	GDB8P75M	feces	pig	taxon:56 2	China: Qinyuan City, Guangdong Province	02-Nov- 2018
<i>Escherichia coli</i>	GDB8P64M	feces	pig	taxon:56 2	China: Qinyuan City, Guangdong Province	02-Nov- 2018
<i>Escherichia coli</i>	ZLWT	feces	pig	taxon:56 2	China:Beijing	2020-08- 25T12:30:0 1Z
<i>Escherichia coli</i>	U90	intestinal tract	swine	taxon:56 2	China: Nanjing	2018
<i>Escherichia coli</i>	ZWW-1	feces	pig	taxon:56 2	China: Yunnan	2018-04-12
<i>Escherichia coli</i>	ZB-1	feces	pig	taxon:56 2	China: Yunnan	2018-03-16
<i>Escherichia coli</i>	ZB-1	feces	pig	taxon:56 2	China: Yunnan	2018-03-16
<i>Escherichia coli</i>	ZWW-1	feces	pig	taxon:56 2	China: Yunnan	2018-04-12
<i>Escherichia coli</i>	E41	liver	pig	taxon:56 2	China:Henan	2018-10
<i>Escherichia coli</i>	EA7	liver	pig	taxon:56 2	China:Henan	2016-10
<i>Escherichia coli</i>	EA2	liver	pig	taxon:56 2	China:Henan	2017-10
<i>Escherichia coli</i>	EA13	liver	pig	taxon:56 2	China:Henan	2017-10
<i>Escherichia coli</i>	ZTA15/00702 EC	stool	porci ne	taxon:56 2	Spain	2015
<i>Escherichia coli</i>	LZYWN_4	liver	swine	taxon:56 2	China:Yangli ng	2017-05-21
<i>Escherichia coli</i>	210221272	cecum	swine	taxon:56 2	USA:Illinois	17-May- 2016
<i>Escherichia coli</i>	U74	intestinal tract	swine	taxon:56 2	China: Nanjing	2018
<i>Escherichia coli</i>	19-5	heart	swine	taxon:56 2	China:Yangli ng	2019-05-14

<i>Escherichia coli</i>	tcmA_3	liver	swine	taxon:56 2	China:Yangli ng	2016-10-11
<i>Escherichia coli</i>	TCM_B_2	intestinal and liver	swine	taxon:56 2	China:Yangli ng	2014-06-17
<i>Escherichia coli</i>	EC_J_9	intestine	swine	taxon:56 2	China:Yangli ng	2016-10-11
<i>Escherichia coli</i>	INpi59	intestine	pig	taxon:56 2	India: Karnataka	2019
<i>Escherichia coli</i>	PF1	intestine	pig	taxon:56 2	India: Mizoram	2016
<i>Escherichia coli</i>	NEP15	intestine	pig	taxon:56 2	India: Meghalaya	2015
<i>Escherichia coli</i>	PF10 32	intestine	pig	taxon:56 2	India: Mizoram	2016
<i>Escherichia coli</i>	NEP10Fa	intestine	pig	taxon:56 2	India: Meghalaya	2015
<i>Escherichia coli</i>	SEC470	intestine	pig	taxon:56 2	China	Oct-2016
<i>Escherichia coli</i>	B41M	intestine	pig	taxon:56 2	USA: South Dakota	Oct-2016
<i>Escherichia coli</i>	2012FS133	intestine	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	2012
<i>Escherichia coli</i>	2012FS032	intestine	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	2012
<i>Escherichia coli</i>	2016FS061	intestine	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	2016
<i>Escherichia coli</i>	2010FS024	intestine	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	2010
<i>Escherichia coli</i>	2013FS003	intestine	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	2013
<i>Escherichia coli</i>	2010FS332	intestine	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	2010
<i>Escherichia coli</i>	2010FS021	intestine	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	2010
<i>Escherichia coli</i>	2012FS138	intestine	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	2012
<i>Escherichia coli</i>	2005FS026	intestine	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	2005
<i>Escherichia coli</i>	2010FS061	intestine	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	2010
<i>Escherichia coli</i>	PJXMCRB12 0	porcine heart	pig	taxon:56 2	China: Jiaxing, Zhejiang	2020-07
<i>Escherichia coli</i>	PJXMCRO42 0	pork	pig	taxon:56 2	China: Jiaxing, Zhejiang	2020-07
<i>Escherichia coli</i>	PJXMCRW7 20	pork	pig	taxon:56 2	China: Jiaxing, Zhejiang	2020-07
<i>Escherichia coli</i>	YSP4-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Jiangmen City, Guangdong Province	2017-07

<i>Escherichia coli</i>	XDXN3-3-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Heyuan City, Guangdong Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	YSB7-2	stool	swine	taxon:56 2	China: Jiangmen City, Guangdong Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	G3P11-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Guigang City, Guangxi Province	2017-08
<i>Escherichia coli</i>	GDXB17-2	stool	swine	taxon:56 2	China: Guigang City, Guangxi Province	2017-08
<i>Escherichia coli</i>	G3X12-2	stool	swine	taxon:56 2	China: Guigang City, Guangxi Province	2017-08
<i>Escherichia coli</i>	G3P8-2	stool	swine	taxon:56 2	China: Guigang City, Guangxi Province	2017-08
<i>Escherichia coli</i>	THX2-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Nanping City, Fujian Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	XDP6-1-2	stool	swine	taxon:56 2	China: Heyuan City, Guangdong Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	XDXN5-2-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Heyuan City, Guangdong Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	THP14-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Nanping City, Fujian Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	XDP9-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Heyuan City, Guangdong Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	THX3-2	stool	swine	taxon:56 2	China: Nanping City, Fujian Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	XDP15-1-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Heyuan City, Guangdong Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	XDBN7-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Heyuan City,	2017-07

					Guangdong Province	
<i>Escherichia coli</i>	YSB3-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Jiangmen City, Guangdong Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	XFYP7-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Heyuan City, Guangdong Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	XDXN8-1-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Heyuan City, Guangdong Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	XFYP18-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Heyuan City, Guangdong Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	GQ65-1	stool	swine	taxon:56 2	China:Nanni ngCity, Guangxi Province	2017-11
<i>Escherichia coli</i>	LHZ4-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Zhangshu City, Jiangxi Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	LHP6-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Zhangshu City, Jiangxi Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	THX8-2	stool	swine	taxon:56 2	China: Nanping City, Fujian Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	HCP21-2	stool	swine	taxon:56 2	China: Jiangmen City, Guangdong Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	LHZ2-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Zhangshu City, Jiangxi Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	DDX6-3	stool	swine	taxon:56 2	China: Nanping City, Fujian Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	DDX16-1	stool	swine	taxon:56 2	China: Nanping City, Fujian Province	2017-07
<i>Escherichia coli</i>	WQMCR	stool	pig	taxon:56 2	China: Shandong Province	Jul-2016

<i>Escherichia coli</i>	ECOR17	stool	pig	taxon:562	Indonesia	Jul-2016
<i>Escherichia coli</i>	ECOR45	stool	pig	taxon:562	Indonesia	Jul-2016
<i>Escherichia coli</i>	ECCTRSRT H02	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:562	Thailand: Chachoengsao	2016-08-11
<i>Escherichia coli</i>	ECCTRSRT H04	Rectal swab	Swine	taxon:562	Thailand: Nakhon Pathom	2016-09-06
<i>Escherichia coli</i>	ECCTRSRT H03	Rectal swab	Swine	taxon:562	Thailand: Nakhon Pathom	2016-08-01
<i>Escherichia coli</i>	ECSW+04	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:562	Thailand: Lamphun	2015-03-08
<i>Escherichia coli</i>	ECSW+06	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:562	Thailand: Lamphun	2015-03-08
<i>Escherichia coli</i>	ECSW+05	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:562	Thailand: Lamphun	2015-03-08
<i>Escherichia coli</i>	ECSW+08	Rectal swab	Swine	taxon:562	Thailand: Lamphun	2015-03-08
<i>Escherichia coli</i>	ECSW+07	Rectal swab	Swine	taxon:562	Thailand: Lamphun	2015-03-08
<i>Escherichia coli</i>	ECSW+09	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:562	Thailand: Lamphun	2015-03-08
<i>Escherichia coli</i>	ECCTRSRT H05	Rectal swab	Swine	taxon:562	Thailand: Nakhon Pathom	2016-09-09
<i>Escherichia coli</i>	ECCTRSRT H06	Rectal swab	Swine	taxon:562	Thailand: Nakhon Pathom	2016-09-06
<i>Escherichia coli</i>	ECCTRSRT H07	Rectal swab	Swine	taxon:562	Thailand: Chachoengsao	2016-09-23
<i>Escherichia coli</i>	ECCTRSRT H09	Rectal swab	Swine	taxon:562	Thailand: Chachoengsao	2016-10-25
<i>Escherichia coli</i>	ECCTRSRT H10	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:562	Thailand: Nakhon Pathom	2017-02-04
<i>Escherichia coli</i>	ECSW+12	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:562	Thailand: Lamphun	2015-03-08
<i>Escherichia coli</i>	ECCTRSRT H11	Rectal swab	Homo sapiens	taxon:562	Thailand: Nakhon Pathom	2016-08-01
<i>Escherichia coli</i>	IBUN9016YE C	drag swab from a swine farm	pig	taxon:562	Colombia	20-Nov-2014

<i>Escherichia coli</i>	IBUN9096YE C	rectal swab	pig	taxon:56 2	Colombia	20-Nov- 2014
<i>Escherichia coli</i>	ECCTRSRT H08	Rectal swab	Swine	taxon:56 2	Thailand: Nakhon Pathom	2016-10-04
<i>Escherichia coli</i>	13P477T	stool	pig	taxon:56 2	Hong Kong	Apr-2013
<i>Escherichia coli</i>	13P484A	stool	pig	taxon:56 2	Hong Kong	May-2013
<i>Escherichia coli</i>	13P460A	stool	pig	taxon:56 2	Hong Kong	Mar-2013
<i>Escherichia coli</i>	cq9	feces	pig	taxon:56 2	China:Chong qing	2012-07-01
<i>Escherichia coli</i>	13-220M	fecal sample	pig	taxon:56 2	France	2013
<i>Escherichia coli</i>	12-246M	fecal sample	pig	taxon:56 2	France	2012
<i>Escherichia coli</i>	12-269M	fecal sample	pig	taxon:56 2	France	2012
<i>Escherichia coli</i>	PN256E8	nares	pig	taxon:56 2	South Africa: Stanger	2016-10
<i>Escherichia coli</i>	D72	nares	pig	taxon:56 2	China: Henan	2017-10-01
<i>Escherichia coli</i>	PigCaeca_2	feces	pig	taxon:56 2	United Kingdom: Yorkshire and the Humber	2015
<i>Escherichia coli</i>	PigCaeca_1	feces	pig	taxon:56 2	United Kingdom: Yorkshire and the Humber	2015
<i>Escherichia coli</i>	FWSEC0629	manure from farm	porci ne	taxon:56 2	United Kingdom: Yorkshire and the Humber	2015
<i>Escherichia coli</i>	E455	feces	pig	taxon:56 2	Hong Kong	2009
<i>Escherichia coli</i>	2ZN37-2	feces	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	19-Mar- 2018
<i>Escherichia coli</i>	2FT38-2	feces	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	20-Jan- 2018
<i>Escherichia coli</i>	2FT39	feces	pig	taxon:56 2	China: Guangdong	20-Jan- 2018
<i>Escherichia coli</i>	PU-1	blood from piglet with acute sepsis	Swine	taxon:56 2	China: Jiangxi province	30-Nov- 2013
<i>Escherichia coli</i>	912	feces	pig	taxon:56 2	Denmark	2003
<i>Escherichia coli</i>	RF14A	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017

<i>Escherichia coli</i>	RF11	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	RF8A	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	RF8B	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	RF2C	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	RF6B	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	RF5A	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	RF6A2	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	RF2B	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	RF6A1	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	RF7A	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	RF12A	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	RF9	feces	pig	taxon:56 2	Ireland	2017
<i>Escherichia coli</i>	GDX7P323P	nasal swabs	pig	taxon:56 2	China: Gungdong	2017
<i>Escherichia coli</i>	I003p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G031p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	L020p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	L057p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	J041p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	H001p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	J034p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	H058p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G041p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G049p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G047p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G029p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G009p2	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G017p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07

<i>Escherichia coli</i>	G009p1	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G008p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G007p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G006p2	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G005p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	L001p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G003p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	F060p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	F056p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	F037p2	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	E036p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	F037p1	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	E024p2	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	D010p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	C023p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	D008p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	B013p2	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	C017p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	C013p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	B010p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	A062p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	A053p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	A043p2	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	A043p1	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	H022p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	G006p1	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	E040p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07

<i>Escherichia coli</i>	E024p1	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	D026p	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	B013p1	fecal sample	pig	taxon:56 2	China: Shandong	2015-07
<i>Escherichia coli</i>	1916D18	feces	swine	taxon:56 2	China:Henan	2019-07-01
<i>Escherichia coli</i>	1916D6	feces	swine	taxon:56 2	China:Henan	2019-07-01
<i>Escherichia coli</i>	1919D3	feces	swine	taxon:56 2	China:Henan	2019-07-01
<i>Escherichia coli</i>	1919D62	feces	swine	taxon:56 2	China:Henan	2019-07-01
<i>Escherichia coli</i>	A/10	feces	pig	taxon:56 2	China: Lufeng County, Chuxiong City, Yunnan	2017-11-05
<i>Escherichia coli</i>	PE15	feces	pig	taxon:56 2	China: Henan	2018-04-01
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNF18</b>	UMNF18	lesion swab of diarrheal isolate	porci ne	taxon:10 50617	USA	2007
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	UMNK88	porcine neonatal diarrhea	porci ne	taxon:69 6406	USA	2007
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	51892776	not known	porci ne	taxon:58 097	United Kingdom	1970/1980
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	653308	not known	porci ne	taxon:58 097	United Kingdom	1970/1980
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	276608	not known	porci ne	taxon:58 097	United Kingdom	1970/1980
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	V22	not known	porci ne	taxon:85 569	United Kingdom:SCO tland	1994
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	V35	not known	porci ne	taxon:85 569	United Kingdom:SCO tland	1994
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	V02	not known	porci ne	taxon:85 569	United Kingdom:SCO tland	1990
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	V39	not known	porci ne	taxon:85 569	United Kingdom:SCO tland	1994
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	V40	not known	porci ne	taxon:85 569	United Kingdom:SCO tland	1996
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	V120	not known	porci ne	taxon:85 569	United Kingdom:SCO tland	2007
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	V125	not known	porci ne	taxon:85 569	United Kingdom:SCO tland	2009

<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	V76	not known	porcine	taxon:85569	United Kingdom:Scotland	1993
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	V85	not known	porcine	taxon:85569	United Kingdom:Scotland	1994
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	V111	not known	porcine	taxon:85569	United Kingdom:Scotland	2001
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	V113	not known	porcine	taxon:85569	United Kingdom:Scotland	2003
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	EWV9	not known	porcine	taxon:85569	United Kingdom:England	2002
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	EWV5	not known	porcine	taxon:85569	United Kingdom:England	2003
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	D15-043619	lung	porcine	taxon:90371	USA:Minnesota	2015
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	s09	Mesenteric Lymph Node	swine	taxon:90371	Brazil	2015-08-04
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	s07	Mesenteric Lymph Node	swine	taxon:90371	Brazil	2015-08-04
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	s08	Mesenteric Lymph Node	swine	taxon:595	Brazil	2015-08-04
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	07CR553	Mesenteric Lymph Node	pig	taxon:28144	France:Brittany	2007
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	ISU-SAL240-15	intestinal contents	swine	taxon:440524	USA	2015
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	ISU-SAL244-16	intestinal contents	swine	taxon:90371	USA	2016
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	ISU-SAL245-16	intestinal contents	swine	taxon:440524	USA	2016
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	ISU-SAL243-14	intestinal contents	swine	taxon:90371	USA	2014
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	ISU-SAL242-16	intestinal contents	swine	taxon:28144	USA	2016
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	s06	Mesenteric Lymph Node	Swine	taxon:29472	Brazil	2015-03-19
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	s04	Mesenteric Lymph Node	Swine	taxon:29472	Brazil	2015-03-19
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	s05	Mesenteric Lymph Node	Swine	taxon:29472	Brazil	2015-03-19
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	s03	Mesenteric Lymph Node	swine	taxon:353569	Brazil	2015-03-17

<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	s02	Mesenteric Lymph Node	swine	taxon:353569	Brazil	2014-09-12
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	42	Mesenteric Lymph Node	swine	taxon:90371	Brazil: Rio Grande do Sul	2000
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	CVCC 3383	liver	pig	taxon:119912	China: Harbin	2019-05-12
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	CVCC 503	intestine	pig	taxon:119912	China: Beijing	2019-05-12
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	CICC 21501	intestine	pig	taxon:119912	Bulgaria	2019-04-15
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	CVCC 79102	intestine	pig	taxon:119912	China: Jiangsu	2019-05-12
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	STy015	slaughter house	swine	taxon:90371	Brazil	2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SE142	swine	swine	taxon:611	USA: Indiana	2002
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SE143	swine	swine	taxon:611	USA: Minnesota	2002
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SE146	swine	swine	taxon:611	USA: Minnesota	2002
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SE144	swine	swine	taxon:611	USA: Minnesota	2009
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	798	swine	porcine	taxon:1008297	USA: Minnesota	2009
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SA_078	intestinal content	Swine	taxon:611	Brazil: Lajeado	2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SA_074	intestinal content	Swine	taxon:611	Brazil: Lajeado	2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SA_041	intestinal content	Swine	taxon:611	Brazil: Lajeado	2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SCMYP1	liver	swine	taxon:211968	China: Mianyang	2017-09-23
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SE471	liver	swine	taxon:90371	USA	1999
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SE89	liver	swine	taxon:108619	USA: UT	2001
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SE93	liver	swine	taxon:108619	USA: KS	2002
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SA20082869	liver	porcine	taxon:2583588	Canada: Quebec	2008-06-17
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SE470	liver	swine	taxon:90371	USA	1999
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	D97C1	pork	swine	taxon:90371	USA: TX	25-Mar-2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	D67H1	pork	swine	taxon:90371	USA: TX	25-Mar-2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	A46HEB11	pork	swine	taxon:90371	USA: TX	25-Mar-2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	B10CEB11	pork	swine	taxon:90371	USA: TX	25-Mar-2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	E76H1	pork	swine	taxon:90371	USA: TX	25-Mar-2015

<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	A50CEB2	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	D79C1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	D55C1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	C72CEB11	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	C72CEB21	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	C72CEB22	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	F93CEB21	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	E94H1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	B53HEB11	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	B3CEB21	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	C73CEB21	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	C73CEB22	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	C66CEB11	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	D51HEB11	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	C93C1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	E77C1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	C93CEB11	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	B15CEB12	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	C73CEB23	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	B24HEB21	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	C73CEB11	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	C44C1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	E90C1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	SH16SP46	pork	pig	taxon:90 371	China: Wuhan	2016-10
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	F28H2	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	F32H1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<i>Escherichia coli</i> <b>UMNK88</b>	E6C1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015

<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	F28C1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	B70CEB11	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	D51C1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	A22HEB21	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	A97HEB1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	A20HEB1	pork	swine	taxon:90 371	USA: TX	25-Mar- 2015
<b><i>Escherichia coli</i> UMNK88</b>	SHSN006	heart	pig	taxon:13 24340	China: Shanghai	2008
<b><i>Enterococcus faecalis</i> D32</b>	D32	feces	pig	taxon:12 06105	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i> EnGen0060</b>	7330257-1	feces	pig	taxon:11 51201	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i> EnGen0071</b>	7430416-3	feces	pig	taxon:11 51207	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i> EnGen0072</b>	7430821-4	feces	pig	taxon:11 51208	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i> EnGen0078</b>	7330082-2	feces	pig	taxon:11 51198	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i> EnGen0079</b>	7330245-2	feces	pig	taxon:11 51200	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i> EnGen0080</b>	7330112-3	feces	pig	taxon:11 51199	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i> EnGen0081</b>	7330259-5	feces	pig	taxon:11 51202	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i> EnGen0082</b>	7330948-5	feces	pig	taxon:11 51204	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i> EnGen0083</b>	7430275-3	feces	pig	taxon:11 51205	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i> EnGen0084</b>	7430315-3	feces	pig	taxon:11 51206	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i> EnGen0086</b>	HEF39	feces	pig	taxon:11 57368	Denmark	2001
<b><i>Enterococcus faecalis</i></b>	ES-1	feces	pig	taxon:13 51	China:Nanjin g	2017
<b><i>Enterococcus faecalis</i></b>	L11	Rectal swab	Swine	taxon:13 51	Brazil: Distrito Federal	2013

<i>Enterococcus faecalis</i>	L10	Rectal swab	Swine	taxon:1351	Brazil: Sao Paulo	2013
<i>Enterococcus faecalis</i>	L13	Rectal swab	Swine	taxon:1351	Brazil: Santa Catarina	2013
<i>Enterococcus faecalis</i>	L16	Rectal swab	Swine	taxon:1351	Brazil: Mato Grosso	2013
<i>Enterococcus faecalis</i>	L18	Rectal swab	Swine	taxon:1351	Brazil: Santa Catarina	2013
<i>Enterococcus faecalis</i>	L21	Rectal swab	Swine	taxon:1351	Brazil: Parana	2013
<i>Enterococcus faecalis</i>	L17	Rectal swab	Swine	taxon:1351	Brazil: Parana	2013
<i>Enterococcus faecalis</i>	L9	Rectal swab	Swine	taxon:1351	Brazil: Distrito Federal	2013
<i>Enterococcus faecalis</i>	L12	Rectal swab	Swine	taxon:1351	Brazil	2013
<i>Enterococcus faecalis</i>	Enfs85	faecal sample	pig	taxon:1351	Malaysia	2012
<i>Enterococcus faecalis</i>	P.En250	faecal sample	pig	taxon:1351	Malaysia	2012
<i>Enterococcus faecalis</i>	P. En090	faecal sample	pig	taxon:1351	Malaysia	2012
<i>Enterococcus faecalis</i>	IBUN9046YE	rectal swab	pig	taxon:1351	Colombia	20-Nov-2014
<i>Enterococcus faecalis</i>	C25	faecal swab	Pig	taxon:1351	China: Sichuan	2017-11
<i>Enterococcus faecalis</i>	C54	faecal swab	Pig	taxon:1351	China: Sichuan	2017-11
<i>Enterococcus faecalis</i>	L15	Rectal swab	swine	taxon:1351	Brazil: Distrito Federal	2013
<i>Enterococcus faecalis</i>	L8	Rectal swab	Swine	taxon:1351	Brazil: Sao Paulo	2013
<i>Enterococcus faecalis</i>	L14	Rectal swab	Swine	taxon:1351	Brazil: Parana	2013
<i>Enterococcus faecium</i> <i>EnGen0008</i>	E0688	Rectal swab	Swine	taxon:1138887	Brazil: Parana	2013
<i>Enterococcus faecium</i> <i>EnGen0014</i>	E0679	Rectal swab	Swine	taxon:1138885	Brazil: Parana	2013
<i>Enterococcus faecium</i> <i>EnGen0019</i>	E0680	Rectal swab	Swine	taxon:1138886	Brazil: Parana	2013
<i>Enterococcus faecium</i> <i>EnGen0124</i>	7230532-1	Rectal swab	Swine	taxon:1157418	Brazil: Parana	2013
<i>Enterococcus faecium</i> <i>EnGen0125</i>	7330381-1	Rectal swab	Swine	taxon:1157419	Brazil: Parana	2013
<i>Enterococcus faecium</i> <i>EnGen0126</i>	7330519-3	Rectal swab	Swine	taxon:1157421	Brazil: Parana	2013

<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0128</b>	9730219-1	Rectal swab	Swine	taxon:11 57429	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0129</b>	7330884-2	Rectal swab	Swine	taxon:11 57423	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0130</b>	841V03	Rectal swab	Swine	taxon:11 57425	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0132</b>	9730357-1	Rectal swab	Swine	taxon:11 57430	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0133</b>	7330446-2	Rectal swab	Swine	taxon:11 57420	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0134</b>	7430166-3	Rectal swab	Swine	taxon:11 57424	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0135</b>	7330614-1	Rectal swab	Swine	taxon:11 57422	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0136</b>	9731349-1	Rectal swab	Swine	taxon:11 57431	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0137</b>	9731352-4	Rectal swab	Swine	taxon:11 57432	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0138</b>	9830091-5	Rectal swab	Swine	taxon:11 57433	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0140</b>	9830512-2	Rectal swab	Swine	taxon:11 57435	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0142</b>	9830565-4	Rectal swab	Swine	taxon:11 57437	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0145</b>	9930238-2	Rectal swab	Swine	taxon:11 57440	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0146</b>	9931110-4	Rectal swab	Swine	taxon:11 57441	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0147</b>	A17 Sv1	Rectal swab	Swine	taxon:11 57442	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0148</b>	E8sv3	Rectal swab	Swine	taxon:11 57443	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0156</b>	S658-3	Rectal swab	Swine	taxon:11 57451	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i> EnGen0185</b>	HF50104	Rectal swab	Swine	taxon:11 57480	Brazil: Parana	2013

<b><i>Enterococcus faecium</i></b> <b><i>EnGen0186</i></b>	HF50105	Rectal swab	Swine	taxon:11 57481	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i></b> <b><i>EnGen0187</i></b>	HF50106	Rectal swab	Swine	taxon:11 57482	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i></b> <b><i>EnGen0188</i></b>	HF50203	Rectal swab	Swine	taxon:11 57483	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i></b> <b><i>EnGen0189</i></b>	HF50204	Rectal swab	Swine	taxon:11 57484	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i></b> <b><i>EnGen0190</i></b>	HF50215	Rectal swab	Swine	taxon:11 57485	Brazil: Parana	2013
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	70-61-7	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Denmark	2011
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	70-8-2	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Denmark	2011
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	CICYT-205	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Spain	2011
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	70-7-8	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Denmark	2011
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	70-36-8	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Denmark	2011
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	70-40-11	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Denmark	2011
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	Sw348	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Switzerland: Zurich	2019
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	Sw342	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Switzerland: Zurich	2019
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	Sw290	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Switzerland: Zurich	2019
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	Sw292	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Switzerland: Zurich	2019
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	SW245	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Switzerland: Zurich	2019
<b><i>Enterococcus faecium</i></b>	Sw253	Rectal swab	pig	taxon:13 52	Switzerland: Zurich	2019

**Anexo A8.** Abundancia de los ARGs encontrados.

<b>ARGs</b>	<b>Abundancia</b>
<i>tet(M)</i>	27
<i>blaTEM-1B</i>	21
<i>erm(B)</i>	21
<i>sul2</i>	19
<i>aac(6')-li</i>	18
<i>oqxB</i>	18
<i>oqxA</i>	17
<i>msr(C)</i>	16
<i>sul1</i>	16
<i>tet(L)</i>	16
<i>aac(6')-laa</i>	15
<i>fosA</i>	15
<i>tet(A)</i>	15
<i>floR</i>	14
<i>dfrA12</i>	12
<i>fexA</i>	12
<i>mph(A)</i>	12
<i>mdf(A)</i>	11
<i>blaCTX-M-15</i>	10
<i>aac(6')-aph(2'')</i>	9
<i>cmlA1</i>	9
<i>aac(6')-lb</i>	8
<i>catA1</i>	8
<i>qacE</i>	8
<i>aac(3)-IIa</i>	7
<i>aadA2</i>	7
<i>blaOXA-1</i>	7
<i>optrA</i>	7
<i>sul3</i>	7
<i>tet(B)</i>	7
<i>VanX</i>	7
<i>aac(3)-IId</i>	6
<i>aac(6')-lb-cr</i>	6
<i>aph(3'')-lb</i>	6
<i>blaSHV-13</i>	6
<i>catB3</i>	6
<i>erm(A)</i>	6
<i>mcr-1.1</i>	6
<i>aph(6)-Id</i>	5
<i>cat</i>	5
<i>aac(3)-IV</i>	4
<i>aadA1</i>	4
<i>aadA16</i>	4

<i>bla</i> CTX-M-55	4
<i>bla</i> SHV-11	4
<i>dfr</i> A14	4
<i>fos</i> A3	4
<i>aph</i> (3')-Ia	3
ARR-3	3
<i>bla</i> OXA-48	3
<i>bla</i> SHV-182	3
<i>bla</i> SHV-70	3
<i>dfr</i> A27	3
<i>qnr</i> B1	3
<i>qnr</i> S1	3
<i>rmt</i> B	3
<i>tet</i> (G)	3
<i>tet</i> (X4)	3
<i>aad</i> A2b	2
<i>aph</i> (2'')-If	2
<i>aph</i> (4)-Ia	2
<i>bla</i> CARB-2	2
<i>bla</i> CMY-2	2
<i>bla</i> CTX-M-14	2
<i>bla</i> CTX-M-65	2
<i>bla</i> DHA-1	2
<i>bla</i> NDM-5	2
<i>bla</i> SHV-1	2
<i>bla</i> SHV-106	2
<i>bla</i> SHV-111	2
<i>bla</i> SHV-132	2
<i>bla</i> SHV-178	2
<i>bla</i> SHV-193	2
<i>bla</i> SHV-1b-b	2
<i>bla</i> SHV-28	2
<i>bla</i> SHV-36	2
<i>bla</i> SHV-38	2
<i>bla</i> SHV-80	2
<i>bla</i> TEM-1A	2
<i>dfr</i> A1	2
<i>dfr</i> A17	2
<i>fos</i> A5	2
<i>fos</i> A6	2
<i>mcr</i> -3.5	2
<i>pox</i> tA	2
<i>qnr</i> B4	2
<i>tet</i> (D)	2
<i>ant</i> (2'')-Ia	1

<i>armA</i>	1
<i>ARR-2</i>	1
<i>ARR-6</i>	1
<i>blaCMY-42</i>	1
<i>blaKPC-2</i>	1
<i>blaOXA-10</i>	1
<i>blaOXA-9</i>	1
<i>blaSHV-12</i>	1
<i>blaSHV-129</i>	1
<i>blaSHV-143</i>	1
<i>blaSHV-145</i>	1
<i>blaSHV-179</i>	1
<i>blaSHV-190</i>	1
<i>blaSHV-194</i>	1
<i>blaSHV-199</i>	1
<i>blaSHV-26</i>	1
<i>blaSHV-55</i>	1
<i>blaSHV-67</i>	1
<i>blaSHV-77</i>	1
<i>blaSHV-78</i>	1
<i>blaSHV-98</i>	1
<i>blaTEM-141</i>	1
<i>blaTEM-206</i>	1
<i>blaVEB-1</i>	1
<i>blaVEB-5</i>	1
<i>cat(pC233)</i>	1
<i>catA2</i>	1
<i>dfrA23</i>	1
<i>erm(T)</i>	1
<i>fexB</i>	1
<i>fosA7</i>	1
<i>fosB3</i>	1
<i>mcr-8</i>	1
<i>qepA1</i>	1
<i>qnrB6</i>	1
<i>VanHAX</i>	1

---

**Anexo A9.** Constancia de participación en el congreso internacional REDBIO México 2022 con una ponencia oral.



**El Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología  
y Diseño del Estado de Jalisco, A.C.**

Otorgan el presente

## **RECONOCIMIENTO**

**MIRANDA VALDÉS JAVIER RUBÉN**

**Por haber participado en el XI Congreso REDBIO 2022 del 12 al 15 de  
octubre del presente año con la Conferencia titulada:**

**“Genes de resistencia a antibióticos en cinco especies de bacterias entéricas de  
origen porcino: Un estudio Bioinformático”**

*Antonia Gtz. M.*

**Mérida Yucatán, 14 de octubre del 2022**

**Dra. Antonia Gutiérrez Mora**  
Presidenta Congreso REDBIO



**Dr. Sergio Casas Flores**  
Secretario Congreso REDBIO