



doi 10.57201/ieuna2323937

Sección
Fe de erratas*Autores correspondientes:
aya@biosyntech.com.py,
carolina@biosyntech.com.py

Editor de área:

Andrea Arrúa , Universidad
Nacional de Asunción.

Editor invitado:

Guillermo Enciso, Centro de
Desarrollo e Innovación Tecnológica
(CEDIT)

Recibido:


28 de abril de 2023

Aceptado:

19 de junio de 2023

Recibido en versión modificada:

19 de junio de 2023

Este es un artículo publicado en
acceso abierto bajo una Licencia
Creative Commons "CC BY
4.0". Declaración de conflicto: Los
autores declaran no tener conflicto
de intereses.

e-ISSN 2709-0817

Como citar: Zaracho Paniagua,
N. D., Maluff Ladan, Y., Talavera
Stefani, L. N., Sapper Lacy, Y. D.,
Prendeski Storaluk, C. E. y Nishii
Encina, E. A. (2023). Fe de erratas
de "*Glaesserella parasuis*:
serotipos y virulencia de cepas
aisladas de cerdos en Itapúa-
Paraguay entre febrero del 2022 a
marzo del 2023". *Revista
investigaciones y estudios. - UNA*,
14 (2), 74.DOI del artículo original:
10.57201/ieuna2313373

Fe de erratas de "*Glaesserella parasuis*: serotipos y virulencia de cepas aisladas de cerdos en Itapúa-Paraguay entre febrero del 2022 a marzo del 2023"

Erratum to "*Glaesserella parasuis*: serotypes and virulence of strains isolated from pigs in Itapúa-Paraguay between February 2022 and March 2023"

Nadia Denisse Zaracho Paniagua^{1*} , Yasmine Maluff Ladan¹ , Liliana Noelia Talavera Stefani^{1,2} , Yanina Dionisia Sapper Lacy¹ , Carolina Elizabeth Prendeski Storaluk^{1*} , Eliane Aya Nishii Encina^{1*} 

¹Biosyntech S. A. Área de Investigación y desarrollo e Innovación. Fram-Paraguay.

²Universidad Nacional de Itapúa. Facultad de Ciencias y Tecnología. Itapúa-Paraguay.

Los autores se disculpan sinceramente por el error involuntario en la composición tipográfica en la página 87, sección Materiales y Métodos.

El contenido completo de dicha sección debe ser el siguiente la inclusión se visualiza en negrita:

Tipificación molecular y virulencia. Para realizar la tipificación molecular se utilizaron los cebadores descritos por Howell (2015), con modificaciones hechas por Lacouture et al. (2017). **Fueron utilizadas tres mezclas de cebadores que se detallan a continuación: PM1: funB (Ser1), glyC (Ser3), wciP (Ser4), funQ (Ser7), funAB (Ser14); PM2: wxz (Ser2), funV (Ser9), gltP (Ser13), funI (Ser15) y PM3: wcwK (Ser5/12), gltI (Ser6), scdA (Ser8), funX (Ser10), amtA (Ser11).** Cada reacción de PCR consistió en 12,5 µL de 2x GoTaq® G2 Colorless Master Mix (Promega); 1 mM de cada uno de los cebadores, csp de agua libre de nucleasas y 2 µL de ADN extraído, con un volumen final de 25 µL. Las condiciones de ciclado fueron las mismas descritas por Lacouture et al., (2017). Para identificar la presencia de genes relacionados a virulencia se utilizó la metodología descrita por Galofré-Mila et al., (2017) para la amplificación de genes de virulencia vtaA.