

## Fe de erratas

En el artículo "Glaesserella parasuis: serotipos y virulencia de cepas aisladas de cerdos en Itapúa-Paraguay entre febrero del 2022 a marzo del 2023", con número DOI: <https://doi.org/10.57201/IEUNA2313373>, publicado en la Revista investigaciones y estudios-UNA , 14(1):84-89.

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: wzx (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.

### **Histórico:**

Recibido: 28 de abril de 2023

Aceptado: 19 de junio de 2023

Recibido en versión modificada: 19 de junio de 2023

Corregido: 28 de diciembre 2023

Este es un artículo publicado en acceso abierto bajo una Licencia Creative Commons  
"CCBY4.0" 