Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América

Dirección General de Estudios de Posgrado
Facultad de Ciencias Biológicas
Unidad de Posgrado

Filogenómica y resistencia antimicrobiana de aislados humanos de *Salmonella enterica* no tífica circulantes en Perú durante el periodo 1998 - 2018

TESIS

Para optar el Grado Académico de Doctor en Ciencias Biológicas

AUTOR

Junior Jair CARO CASTRO

ASESOR

Dra. Ruth Hortensia GARCIA DE LA GUARDA

Lima, Perú

2025



Reconocimiento − No Comercial − Compartir Igual − Sin restricciones adicionales

https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/

Usted puede distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir del documento original de modo no comercial, siempre y cuando se dé crédito al autor del documento y se licencien las nuevas creaciones bajo las mismas condiciones. No se permite aplicar términos legales o medidas tecnológicas que restrinjan legalmente a otros a hacer cualquier cosa que permita esta licencia.

Referencia bibliográfica

Caro, J. (2025). *Filogenómica y resistencia antimicrobiana de aislados humanos de Salmonella enterica no tífica circulantes en Perú durante el periodo 1998 - 2018*. [Tesis de doctorado, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ciencias Biológicas, Unidad de Posgrado]. Repositorio institucional Cybertesis UNMSM.

Metadatos complementarios

Datos de autor	
Nombres y apellidos	Junior Jair Caro Castro
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	70932159
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0002-8890-6119
Datos de asesor	
Nombres y apellidos	Ruth Hortensia García de la Guarda
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	06041081
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0003-4801-5642
Datos del jurado	
Presidente del jurado	
Nombres y apellidos	Pablo Sergio Ramírez Roca
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	06183797
Miembro del jurado 2	
Nombres y apellidos	Liz Erika Cruz Pio
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	41509033
Miembro del jurado 3	
Nombres y apellidos	Abraham Omar Espinoza Culupú
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	42688779
Datos de investigación	

Línea de investigación	A.1.1.2
Grupo de investigación	Genómica funcional de microorganismos y biorremediación (MICROGEN) – Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Agencia de financiamiento	País de la agencia financiadora Perú Nombre y siglas de la agencia financiadora Instituto Nacional de Salud Nombre del programa financiero Directiva para la Gestión de Proyectos de Investigación en Salud en el Instituto Nacional de Salud Número de contrato OI-0025-18
Ubicación geográfica de la investigación	Lugar Perú, Lima, Lima, Jesús María Coordenadas geográficas Latitud: -12.080197 | Longitud: -77.04144
Año o rango de años en que se realizó la investigación	2022-2024
URL de disciplinas OCDE	Bioquímica, Biología molecular http://purl.org/pe-repo/ocde/ford#1.06.03 Biología celular, Microbiología http://purl.org/pe-repo/ocde/ford#1.06.01

Expediente N.º 068-UPG-FCB-2025

ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS PARA OPTAR AL GRADO ACADÉMICO DE DOCTOR EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

Siendo las 10:30 horas del miércoles 10 de diciembre de 2025, en el auditorio de la Facultad de Ciencias Biológicas, el Jurado de Tesis conformado por:

Dr. Pablo Sergio Ramírez Roca	(Presidente)
Dra. Liz Erika Cruz Pio	(Miembro)
Dr. Abraham Omar Espinoza Culupú	(Miembro)
Dra. Ruth Hortensia García De La Guarda	(Asesor)

Se reunió para la sustentación oral y pública de la Tesis para optar al Grado Académico de Doctor en Ciencias Biológicas, que solicitara el señor Magíster **JUNIOR JAIR CARO CASTRO.**

Después de darse lectura al **Expediente N.º 068-UPG-FCB-2025,** en el que consta haberse cumplido con todas las disposiciones reglamentarias, los señores miembros del Jurado presenciaron la exposición de la Tesis Titulada:

"Filogenómica y resistencia antimicrobiana de aislados humanos de *Salmonella enterica* no tífica circulantes en Perú durante el periodo 1998 - 2018", y formuladas las preguntas, éstas fueron absueltas por el graduando.

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS
Universidad del Perú. Decana de América

FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

UNIDAD DE POSGRADO

Acto seguido el Jurado procedió a la votación la que dio como resultado el calificativo de: ..Excelente..... con la nota de ....20 (Veinte)...

A continuación, el Presidente del Jurado de Tesis recomienda que la Facultad proponga que la Universidad le otorgue el grado académico de Doctor en Ciencias Biológicas, al señor Magíster **JUNIOR JAIR CARO CASTRO.**

Siendo las ...12:05h. se levantó la sesión, recibiendo el graduando las felicitaciones de los señores miembros del Jurado y público asistente.

Se extiende la presente Acta en Lima, el miércoles 10 de diciembre del año 2025

.....	.....
Dr. Pablo Sergio Ramírez Roca	**Dra. Ruth H. García De La Guarda**
Profesor Principal a D.E.	Profesor Principal a D.E.
PRESIDENTE	ASESOR
pramirezr@unmsm.edu.pe	rgarciad@unmsm.edu.pe
RENACYT P0001952	RENACYT P0001951
.....	.....
Dra. Liz Erika Cruz Pio	**Dr. Abraham Omar Espinoza Culupú**
Profesor Asociado a T.C.	Profesor Auxiliar a T.P.
MIEMBRO	MIEMBRO
lcruzp1@unmsm.edu.pe	aespinozac@unmsm.edu.pe
RENACYT P0043932	RENACYT P0001953

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE
SAN MARCOS
Universidad del Perú, Decana de América

Anexo 1

CERTIFICADO DE SIMILITUD

Yo, **RUTH HORTENSIA GARCIA DE LA GUARDA**, en mi condición de asesora acreditada con Dictamen N.º 000111-2025-UPG-VDIP-FCB/UNMSM, de la tesis de investigación cuyo título es **"Filogenómica y resistencia antimicrobiana de aislados humanos de *Salmonella enterica* no tífica circulantes en Perú durante el periodo 1998-2018"**, presentado por el Magíster JUNIOR JAIR CARO CASTRO, para optar el Grado Académico de Doctor en Ciencias Biológicas.

CERTIFICO que se ha cumplido con lo establecido en la Directiva de Originalidad y de Similitud de Trabajos Académicos, de Investigación y Producción Intelectual. Según la revisión, análisis y evaluación mediante la plataforma PIDS, el documento evaluado cuenta con **el 10% de similitud**, nivel **PERMITIDO** para continuar con los trámites correspondientes y para su **publicación en el repositorio institucional.**

Se emite el presente certificado en cumplimiento de lo establecido en las normas vigentes, como uno de los requisitos para la obtención del grado de Doctor en Ciencias Biológicas.

Lima, 13 de enero de 2026

UNMSM
Firmado digitalmente por GARCIA DE LA GUARDA Ruth Hortensia FAU 20148092282 soft
Motivo: Soy el autor del documento
Fecha: 16.01.2026 13:18:00 -05:00

DRA. RUTH HORTENSIA GARCIA DE LA GUARDA

DNI: 06041081

La vigencia del presente certificado corresponde a un período de noventa (90) días desde la fecha de su emisión; siempre que no haya observaciones en el texto durante el proceso de revisión por el jurado informante o surja alguna contingencia

A mis padres y hermanos, por ser mi refugio, mi fuerza y mi impulso. Este tercer gran paso profesional no habría sido posible sin su amor incondicional, su paciencia y su fe en mí. Cada uno de mis logros lleva impreso el cariño y la confianza que siempre me han brindado. Gracias por caminar conmigo, aun cuando el camino fue difícil.

Agradecimientos

A Dios y a nuestro Señor Jesucristo por sobre todas las cosas, quien nunca me abandona y me brinda infinita sabiduría.

A mis padres, Kelly y Freddy, por su infinito amor a su primogénito, a quienes nunca podré compensar por todo lo que han hecho por mí; y a mis hermanos Michelle, Freddy y Gabriel, quienes me han hecho sentir honrado al saber que dos de ustedes me tomaron como modelo a seguir. Los amo con todo mi corazón.

A Ronnie Gavilán, amigo y gran mentor, quien sin duda es uno de los mejores profesionales que tiene el Perú. Gracias por depositar toda su confianza en mí para la obtención de este logro académico. Y a mi asesora, Ruth García, a quien conozco desde mis primeros pasos en el pregrado y quien me inspiró a tomar las riendas de la microbiología en salud.

A mis grandes e infaltables amigos de la Base 10 de la E.P. de Microbiología y Parasitología: Oscar Panana, Joe Hermosilla, Alejandra Fuentes y Lucas Sevilla, que, a pesar de haber tomado senderos diferentes, compartimos un fuerte vínculo de amistad que estoy seguro perdurará por muchos años más.

A mis colegas y amigos que formaron y forman parte del Laboratorio de Bacteriología Clínica del Instituto Nacional de Salud (INS): Willi Quino, Ana Meza, Gustavo Bellido, Diana Flores, France Vences, Julio Calderón, Pamela Yañez, Orson Mestanza, Alejandra Cuneo, Denia Milla, Fiorella Orellana y tantos otros más, quienes me acompañaron durante el transcurso del doctorado y me brindaron su apoyo profesional y emocional.

A todos los miembros del Laboratorio de Ecología Microbiana, y en especial a los profesores Jorge León y Mónica Huamán, quienes me impulsaron a seguir el camino de la investigación y la docencia, y con quienes comparto un fuerte lazo de respeto y amistad.

Finalmente, un agradecimiento muy especial a Lisset Tupa, la mujer que se robó mi corazón y lo cuida como lo más preciado en su vida. Gracias por escucharme, entenderme y quererme como soy. Te amo.

CONTENIDO

RESUMEN **1**

ABSTRACT **2**

I. INTRODUCCIÓN **3**

II. ANTECEDENTES **5**

2.1. Serovariedades de *Salmonella enterica* 5

2.2. Tipificación multilocus (MLST) de *Salmonella enterica* 5

2.3. Secuenciación de genoma completo aplicada a *Salmonella enterica* 6

2.4. Resistencia antimicrobiana de *Salmonella enterica* 7

2.5. Islas de patogenicidad de *Salmonella enterica* 8

2.6. Plásmidos y otros elementos móviles de *Salmonella enterica* 9

2.7. Filogenómica aplicada a *Salmonella enterica* no tifoidea 10

2.8. Genómica comparativa de *Salmonella enterica* no tifoidea 12

2.9. Estudios genómicos de *Salmonella enterica* no tifoidea en Perú ... 13

III. HIPÓTESIS Y OBJETIVOS **15**

3.1. Hipótesis 15

3.2. Objetivos 15

3.2.1. Objetivo General 15

3.2.2. Objetivos específicos 15

IV. MATERIALES Y MÉTODOS **16**

4.1. Materiales 16

4.1.1. Muestreo y población 16

4.2. Métodos 16

4.2.1. Declaración de ética 16

4.2.2. Dinámica poblacional de *Salmonella enterica* en el periodo de estudio 16

4.2.3. Caracterización bioquímica y serológica de *Salmonella enterica* 16

4.2.4. Evaluación de la susceptibilidad antimicrobiana 16

4.2.5. Caracterización molecular de *Salmonella enterica* 17

4.2.6. Preparación de librerías y secuenciación del genoma completo 18

4.2.7. Análisis bioinformático 19

V. RESULTADOS 22

5.1. Distribución temporal de *Salmonella enterica* no tifoidea (NTS) en Perú 22

5.2. Identificación bioquímica y serológica de *Salmonella enterica* 22

5.3. Susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella enterica* 25

5.4. Identificación molecular de *Salmonella enterica* 27

5.5. Métricas de los genomas secuenciados y ensamblados 29

5.6. Secuenciotipos de *Salmonella enterica* identificados en Perú 29

5.7. Secuenciotipos de *Salmonella enterica* de Perú bajo el contexto Sudamericano 35

5.8. Filogenia de *Salmonella enterica* no tifoidea recuperados en Perú 38

5.9. Filogenia de *S.* Enteritidis ST-11 bajo el contexto mundial 40

5.10. Filogenia de *S.* Typhimurium ST-19 bajo el contexto mundial 43

5.11. Filogenia de *S.* Infantis ST-32 bajo el contexto mundial 46

5.12. Filogenia de *S.* Newport ST-31 bajo el contexto mundial 49

5.13. Filogenia de *S.* Mbandaka ST-413 bajo el contexto mundial 52

5.14. Islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI) detectadas en *Salmonella* circulantes en Perú 55

5.15. Factores de virulencia de *Salmonella enterica* detectadas en *Salmonella* circulante en Perú 58

5.16. Plásmidos de *Salmonella enterica* detectadas en cepas peruanas 64

5.17. Susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella enterica* no tifoidea en cepas peruanas 66

5.18. Genes implicados en la resistencia antimicrobiana de *Salmonella enterica* no tifoidea aislados en Perú 68

5.19. Genes de resistencia antimicrobiana de *S.* Infantis (ST-32) codificadas en plásmidos 70

5.20. Comparación genética de otros plásmidos de *Salmonella enterica* no tifoidea aislados en Perú 73

5.21. Profagos de *Salmonella enterica* detectadas en cepas peruanas . 75

5.22. Análisis del pangenoma de *Salmonella enterica* no tifoidea aisladas en Perú 77

5.23. Secuencias codificantes y no codificantes en los serovares más frecuentes de *Salmonella enterica* no tifoidea en Perú 79

5.24. Genómica comparativa de los serovares más frecuentes de *Salmonella enterica* no tifoidea en Perú 80

VI. DISCUSIÓN 83

6.1. Distribución temporal y dinámica de casos de *S. enterica* no tifoidea en Perú 83

6.2. Caracterización fenotípica y genómica de *S. enterica* no tifoidea circulante en Perú 84

6.3. Serovares y secuenciotipos más frecuentes de *S. enterica* no tifoidea en Perú 85

6.4. Componentes del viruloma de *S. enterica* no tifoidea circulante en Perú 90

6.5. Plásmidos, otros elementos genéticos móviles y resistoma de *S. enterica* no tifoidea circulantes en Perú 95

6.6. Pangenoma y genómica comparativa de *S. enterica* no tifoidea circulante en Perú 98

VII. CONCLUSIONES 100

VIII. RECOMENDACIONES 101

9. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS 102

X. ANEXOS 130

LISTA DE TABLAS

Tabla 1. Características genéticas asociadas a las islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI) 9
Tabla 2. Características bioquímicas de *Salmonella enterica*..... 24
Tabla 3. Serovariedades de *Salmonella* no tifoidea identificadas en este estudio..... 25
Tabla 4. Frecuencia de resistencia a los antimicrobianos de *Salmonella enterica* incluidas en este estudio. 26
Tabla 5. Secuenciotipos de *Salmonella* no tifoidea aislados en Perú. 30
Tabla 6. Secuencias codificantes y no codificantes de los serovares de *S. enterica* no tifoidea más frecuentes en Perú 79

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Distribución temporal de NTS en Perú basado en el año en el que se aislaron las cepas..... 22
Figura 2. Características de las colonias de *Salmonella enterica* sembradas en agar *Salmonella Shigella*..... 23
Figura 3. Reacción bioquímica convencional de *Salmonella enterica* 25
Figura 4. Susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella enterica*. 27
Figura 5. Electroforesis en agarosa para la detección del gen invA en *Salmonella enterica*. 28
Figura 6. Comparación de espectros de masa con carga +1 de una cepa de *Salmonella enterica* y *Salmonella bongori* obtenido mediante MALDI-TOF. 29
Figura 7. a) Mapa de Perú que indica el origen geográfico de los genomas de NTS utilizados en este estudio (n = 1122). b) Frecuencia de los genomas de NTS secuenciados durante el período 1998-2018. 33
Figura 8. Diagrama de expansión mínima de 1122 genomas de *Salmonella enterica* no tifoidea aisladas en Perú. 34
Figura 9. Diagrama de expansión mínima de 7289 genomas de *Salmonella enterica* no tifoidea aisladas en Sudamérica.. 36
Figura 10. Diagrama de expansión mínima de genomas de *Salmonella enterica* aisladas en Sudamérica y su contraste con los genomas peruanos. 37
Figura 11. Árbol de máxima verosimilitud de 1122 cepas de S. *enterica* no tifoidea aislados en Perú, inferido utilizando 1000 réplicas de bootstrap bajo el modelo de sustitución GTR+I+G.. 39
Figura 12. Genomas secuenciados de S. Enteritidis ST-11 a nivel mundial.. . 41
Figura 13. Árbol de máxima verosimilitud de 786 genomas de S. Enteritidis ST-11 aislados a nivel mundial, inferido utilizando 1000 réplicas de bootstrap bajo el modelo de sustitución GTR+I+G.. 42
Figura 14. Genomas secuenciados de S. Typhimurium ST-19 a nivel mundial. Los círculos indican la cantidad de cepas secuenciadas por país según la leyenda..... 44
Figura 15. Árbol de máxima verosimilitud de 660 genomas de S. Typhimurium ST-19 aislados a nivel mundial, inferido utilizando 1000 réplicas de bootstrap bajo el modelo de sustitución GTR+I+G.. 45

Figura 16. Genomas secuenciados de S. Infantis ST-32 a nivel mundial. Los círculos indican la cantidad de cepas secuenciadas por país según la leyenda. 47
Figura 17. Árbol de máxima verosimilitud de 647 genomas de S. Infantis ST-32 aislados a nivel mundial, inferido utilizando 1000 réplicas de bootstrap bajo el modelo de sustitución GTR+I+G. 48
Figura 18. Genomas secuenciados de S. Newport ST-31 a nivel mundial. Los círculos indican la cantidad de cepas secuenciadas por país según la leyenda. 50
Figura 19. Árbol de máxima verosimilitud de 143 genomas de S. Newport ST-31 aislados a nivel mundial, inferido utilizando 1000 réplicas de bootstrap bajo el modelo de sustitución GTR+I+G.. 51
Figura 20. Genomas secuenciados de S. Mbandaka ST-413 a nivel mundial. Los círculos indican la cantidad de cepas secuenciadas por país según la leyenda. 53
Figura 21. Árbol de máxima verosimilitud de 160 genomas de S. Newport ST-31 aislados a nivel mundial, inferido utilizando 1000 réplicas de bootstrap bajo el modelo de sustitución GTR+I+G.. 54
Figura 22. Árbol de máxima verosimilitud de 1122 cepas de S. *enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con las islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI). 56
Figura 23. Localización de islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI) en los secuenciotipos más frecuentes de Perú. 57
Figura 24. Árbol de máxima verosimilitud de S. *enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con los genes del sistema de secreción tipo 3 (T3SS) codificado por la SPI-1.. 59
Figura 25. Árbol de máxima verosimilitud de S. *enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con los genes del sistema de secreción tipo 3 (T3SS) codificado por la SPI-2. 60
Figura 26. Árbol de máxima verosimilitud de S. *enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con los genes del sistema de secreción tipo 6 (T6SS). .. 61
Figura 27. Árbol de máxima verosimilitud de S. *enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con los genes implicados a la adherencia bacteriana.. .. 62

Figura 28. Árbol de máxima verosimilitud de S. *enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con otros genes implicados en la virulencia bacteriana. 63
Figura 29. Árbol de máxima verosimilitud de S. *enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con plásmidos.. 65
Figura 30. Mapas de calor de resistencia antimicrobiana de *Salmonella enterica* no tifoidea por serovar y secuenciotipo desde 2009 hasta 2018. 67
Figura 31. Árbol de máxima verosimilitud de S. *enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con genes de resistencia antimicrobiana..... 69
Figura 32. Regiones variables dentro del plásmido de resistencia de *Salmonella* Infantis aislados en Perú. 71
Figura 33. Comparación genómica del sitio 1 dentro del plásmido de resistencia de *Salmonella* Infantis con Easyfig y el algoritmo BLAST. 72
Figura 34. Regiones variables dentro del plásmido IncFIB(S) de S. Enteritidis (ST-11) y S. Typhimurium (ST-19) aislados en Perú. 73
Figura 35. Regiones variables dentro del plásmido IncFII(S) de S. Enteritidis (ST-11), S. Typhimurium (ST-19) y S. Newport (ST-31) aislados en Perú. 74
Figura 36. Árbol de máxima verosimilitud de S. *enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con profagos completos. 76
Figura 37. Gráfica de pie que muestra la proporción del repertorio de genes pertenecientes al core, soft-core, shell y cloud del pangenoma de S. *enterica* no tifoidea circulantes en Perú. 77
Figura 38. Pangenoma de S. *enterica* no tifoidea recuperada en Perú (n=1122). 78
Figura 39. Clasificación de las secuencias codificantes de *Salmonella enterica* no tifoidea de acuerdo con el análisis funcional del COG. 80
Figura 40. Análisis genómico comparativo realizado sobre los genomas de los STs de NTS más frecuentes que circulan en el Perú..... 82

RESUMEN

Las infecciones por *Salmonella* no tifoidea (NTS) constituyen un importante problema de salud pública, principalmente por su amplio rango de distribución geográfica, alta incidencia de casos, y el incremento de su frecuencia a los antimicrobianos, especialmente en países en vías de desarrollo como Perú. Debido a ello, el presente trabajo tuvo como objetivo determinar la diversidad filogenómica de aislados de NTS circulantes en Perú entre el periodo 1998-2018. Una colección de cepas viables pertenecientes al Instituto Nacional de Salud, caracterizadas previamente como *Salmonella* spp., fueron secuenciadas mediante tecnología Illumina®. Los datos obtenidos por secuenciación fueron evaluados por un filtro de calidad para pasar posteriormente al ensamblaje de genomas. A partir de ello, se ejecutaron múltiples análisis que incluyeron asignación del secuenciotipo (ST), inferencia filogenética, detección de genes de resistencia y virulencia, elementos genéticos móviles, y un análisis genómico comparativo de los principales STs. Se determinaron 40 secuenciotipos diferentes, siendo los más frecuentes *S.* Infantis ST-32 (37.3%), *S.* Enteritidis ST-11 (23.8%), *S.* Typhimurium ST-19 (14.2%), *S.* Newport ST-31 (6.77%) y *S.* Mbandaka ST-413 (4.7%). La filogenia indicó una alta clonalidad entre cepas del mismo ST, formando clados fuertemente soportados independientemente de la fuente de aislamiento. Además, una serie de genes de virulencia relacionados a adherencia e invasión, así como plásmidos y profagos estuvieron fuertemente asociados con los STs más frecuentes, mientras que los genes de resistencia antimicrobiana se asociaron mayormente a *S.* Infantis ST-32. Este estudio muestra por primera vez la dinámica de secuenciotipos circulantes de NTS en Perú, los cuales presentan características genómicas remarcadas, sugiriendo una alta adaptación de estas cepas en el país. Se destaca el uso de la secuenciación del genoma completo para la vigilancia de NTS circulantes en el futuro y así respaldar la implementación de estrategias de intervención más efectivas, enfocadas en la prevención y el control de patógenos transmitidos por los alimentos.

Palabras clave: *Salmonella*, microbiología molecular, filogenómica, resistencia antimicrobiana, genómica comparativa.

ABSTRACT

Non-typhoidal *Salmonella* (NTS) infections pose a public health threat due to their wide geographic distribution, high incidence, and increasing resistance to antimicrobials, particularly in developing countries like Peru. Therefore, the objective of this study was to determine the phylogenomic diversity of circulating NTS strains in Peru from 1998 to 2018. A collection of viable strains remitted to the National Institute of Health, previously characterized as *Salmonella* spp., were sequenced using Illumina technology. The sequencing data were evaluated through a quality filter before proceeding to genome assembly. Multiple bioinformatic analyses were subsequently conducted, including sequence type (ST) assignment, phylogenetic inference, detection of virulence and resistance genes, mobile genetic elements, and comparative genomics of the main STs. Forty different sequence types were detected, with the most prevalent being *S.* Infantis ST-32 (37.3%), *S.* Enteritidis ST-11 (23.8%), *S.* Typhimurium ST-19 (14.2%), *S.* Newport ST-31 (6.77%), and *S.* Mbandaka ST-413 (4.7%). Strains within the same ST exhibited a high level of genetic similarity, as shown by phylogenetic analysis, forming strongly supported clades regardless of the isolation source. Moreover, virulence genes involved in adherence and invasion, along with plasmids and prophages, showed a strong association with the most prevalent STs, whereas antimicrobial resistance genes were mainly found in *S.* Infantis ST-32. This study represents the first insight into the dynamics of circulating NTS sequence types in Peru, which display notable genomic characteristics, suggesting a high level of adaptation among these strains in the country. It highlights the use of whole genome sequencing for future NTS surveillance, providing a basis for more efficient prevention and control measures against foodborne pathogens.

Keywords: *Salmonella*, molecular microbiology, phylogenomics, antimicrobial resistance, comparative genomics.

I. INTRODUCCIÓN

Las infecciones diarreicas agudas representan un serio desafío para la salud pública global, especialmente en países de bajos recursos, donde las condiciones de salubridad y el limitado acceso al agua potable favorecen su rápida diseminación, detectándose tasas de mortalidad y morbilidad significativas. Según cifras de la Organización Mundial de la Salud (OMS), más de 2 mil millones de personas padecen diarrea cada año en todo el mundo (who.int/health-topics/diarrhoea). En cuanto a la fuente de infección, la más frecuente resulta ser el consumo de alimentos contaminados por mala manipulación de los mismos o por contaminación cruzada (Popa y Papa, 2021). Entre los patógenos microbianos más frecuentes causantes de infecciones diarreicas, destaca el género *Salmonella* (Tassinari et al., 2020). El género se divide en dos especies, *Salmonella enterica* y *Salmonella bongori*; sin embargo, la primera de ellas comprende seis subespecies*: S. enterica* subsp. *enterica, salamae, arizonae, diarizonae, houtenae* e *indica*. Las subespecies se pueden distinguir entre sí en función de diferentes pruebas bioquímicas (Alikhan et al., 2018). Dentro de estas subespecies, los aislamientos pueden clasificarse adicionalmente en serovares, según los perfiles antigénicos de los antígenos O y H (Shariat et al., 2021).

Las cepas que son patógenas para el humano se subdividen tradicionalmente en dos grupos principales según sus manifestaciones clínicas: *Salmonella* tifoidea y *Salmonella* no tifoidea (NTS) (Seribelli et al., 2021). Las especies de *Salmonella* tifoidea, que comprende los serovares Typhi y Paratyphi A, B y C, causan una enfermedad sistémica llamada fiebre entérica, la cual se limita al ser humano, con un número estimado de casos entre 21,7 millones y 26,9 millones por año, y un estimado de 217 000 muertes por año (Chattaway et al., 2021). El grupo de cepas NTS consta de más de 2500 serovares, que generalmente tienen diferentes hospederos humanos y animales, causan infecciones gastrointestinales leves en humanos, lo que resulta en aproximadamente 93,8 millones de pacientes con episodios diarreicos y 155 000 decesos anualmente (Seribelli et al., 2021). Sin embargo, algunas cepas de NTS, denominadas NTS invasivas (iNTS), provocan infecciones del torrente sanguíneo con invasión de otros órganos. La carga mundial anual de iNTS se estima en 3,4 millones de infecciones y 681 316 muertes (Cuypers et al., 2018).

Las herramientas de biología molecular, y en especial la secuenciación de genoma completo, han permitido dilucidar muchos aspectos sobre la taxonomía, patogenicidad, genética e historia evolutiva de *S. enterica* (Tassinari et al., 2020); sin embargo, los microorganismos presentan variaciones genéticas locales que usualmente están restringidas a determinadas regiones del mundo (Branchu et al., 2018), muchas de las cuales podrían representar un peligro latente a futuro por presentan una serie de mecanismos de supervivencia frente a la mayoría de antibióticos de primera línea empleados en pacientes graves (Cuypers et al., 2018). Es por ello que se requiere que todos los países del mundo realicen reportes continuos sobre el estado de las cepas circulantes en cada una de ellas para tomar las precauciones necesarias y evitar llegar a una epidemia y/o pandemia en lo que se conoce como "era post-antibiótica" (Castro-Vargas et al., 2020). Aunque ya existen algunos trabajos de reportes de cepas circulantes en nuestro medio (Quino et al., 2020a), no se conoce el panorama total de cepas circulantes en Perú. Además, la mayoría de abordajes en las publicaciones más recientes en nuestro país no incluyen datos genómicos suficientes para sacar conclusiones sobre el ámbito nacional, y solo se limitan a dar reportes sobre el estado de un establecimiento de salud (Parra-Payano et al., 2019). Por ello, en el presente trabajo se realizó un análisis general de las cepas circulantes de *S. enterica* no tifoidea en Perú empleando un abordaje filogenómico.

II. ANTECEDENTES

2.1. Serovariedades de *Salmonella enterica*

Tradicionalmente, *S. enterica* se subdivide por reacciones diferenciales de anticuerpos denominados serovares o serotipos. El uso de anticuerpos específicos que identifican distintos antígenos de la superficie celular dentro de lipopolisacáridos (O) y flagelos (F) ha llevado a la distinción de más de 2500 serovares que difieren en sus fórmulas antigénicas (Alikhan et al., 2018). Algunos de estos serovares causan enfermedades invasivas de hospedadores específicos, incluidos los serovares tifoideos específicos de humanos, siendo *S.* Typhi y *S.* Paratyphi los más conocidos, mientras que otros causan gastroenteritis de diversa gravedad en múltiples hospedadores, como *S.* Typhimurium y *S.* Enteritidis (Seribelli et al., 2021).

Aunque esta clasificación sigue siendo empleada de rutina en el ambiente clínico u hospitalario, el desarrollo de técnicas moleculares ha permitido conocer a profundidad la genética de estos serovares, permitiendo construir filogenias que reflejan la inmensa diversidad del género *Salmonella* (Alikhan et al., 2018). Dentro de dichas observaciones, se ha encontrado dos puntos que afectan la tipificación de los serovares: 1) Perfiles de serovares antigénicos idénticos que pueden ocurrir a través de múltiples subespecies en *Salmonella*. Por ejemplo, el perfil de serovariedad 44:z4,z23:- se encuentra en cuatro subespecies diferentes (*enterica, salamae, arizonae* y *houtenae*) (Shariat et al., 2021); y 2) Muchos serovares son polifiléticos y contienen múltiples linajes que no comparten un ancestro común más reciente. Por ejemplo, *S.* Newport es polifilético, mostrando un alto nivel de diversidad genómica y al menos tres linajes asociados con distintas regiones geográficas y anfitriones (Yin et al., 2020).

2.2. Tipificación multilocus (MLST) de *Salmonella enterica*

Achtman et al. (2012) fueron quienes describieron la tipificación multilocus (MLST) de *S. enterica* subespecie *enterica* sobre la base de secuencias de siete fragmentos de genes de mantenimiento: *aroC* (corismato sintasa), *dnaN* (parte del complejo ADN polimerasa), *hemD* (Uroporfirinógeno-III sintasa), *hisD* (Histidinol deshidrogenasa). *purE* (N5-carboxiaminoimidazol ribonucleótido

mutasa), *sucA* (Oxoglutarato deshidrogenasa) y *thrA* (aspartoquinasa/homoserina deshidrogenasa), definiendo así a los secuenciotipos (ST) tomando en cuenta la combinación de variantes de los siete alelos. A partir de ello, se definieron poblaciones genéticas llamadas grupos eBurst (eBG) que consistían en grupos de ST de enlace único que difieren secuencialmente en solo una de las siete secuencias (variantes de locus único) (Pearce et al., 2018). La mayoría de los aislamientos dentro de cada eBG eran del mismo serovar (monofiléticos); sin embargo, en algunas ocasiones algunos serovares se asociaron con múltiples eBG no relacionados genéticamente, lo que indicaba que son polifiléticos (Yin et al., 2020). Toda esta información permitió estandarizar la metodología, manteniéndose estables durante estudios posteriores, demostrando la robustez del método (Alikhan et al., 2018). Todo ello terminó en la creación de servidores basados en web de acceso libre que almacenan las nomenclaturas de alelos y ST (https://pubmlst.org).

Debido a la naturaleza polifilética de los serovares, además de una tasa de error de serotipificación de al menos varios por ciento, actualmente se recomienda eliminar gradualmente el uso rutinario de la serotipificación y reemplazarlo con una clasificación basada en agrupaciones genéticas de población como eBG y ST (Ibrahim y Morin, 2018). Sin embargo, los laboratorios de referencia siguen utilizando las designaciones de serovar, aunque ahora varios simplemente predicen el serovar más probable a partir de una secuencia genómica sobre la base de MLST (Zhang et al., 2019).

2.3. Secuenciación de genoma completo aplicada a *Salmonella enterica*

Gran parte de lo que se sabe sobre la evolución y la diversidad de los serovares de *S. enterica* es el resultado del surgimiento de la era de la genómica en la microbiología (Brown et al., 2021). En los últimos años, debido a la reducción de costos y al incremento en la accesibilidad de la secuenciación del genoma completo (WGS), se ha generado una gran cantidad de datos genómicos (Yin et al., 2020). Hasta octubre del 2025, se tienen más de 700 000 genomas de *S. enterica* depositados en el GenBank (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pathogens/). Además, se han depositado más de 300 000 genomas de *Salmonella* en EnteroBase (https://enterobase.warwick.ac.uk). Esta extraordinaria amplitud de

diversidad genómica ahora disponible para la especie, junto con la disponibilidad generalizada y la asequibilidad de la instrumentación del WGS, ha transformado la forma en que detectamos, diferenciamos y caracterizamos las cepas de *S. enterica* de manera oportuna (Banerji et al., 2020).

Los datos WGS no solo han permitido obtener un informe detallado y global del movimiento epidemiológico molecular de *Salmonella* desde diversos reservorios ambientales a hospederos humanos y animales, sino que también han permitido una consolidación considerable del esfuerzo de diagnóstico requerido para la caracterización de *Salmonella* (Cooper et al., 2020). Por ejemplo, la resistencia a los medicamentos (Hawkey et al., 2019), la serotipificación (Robertson et al., 2018), los determinantes de virulencia (Arai et al., 2019) y otros atributos basados en el genoma se pueden discernir utilizando una secuencia del genoma. Finalmente, el análisis genómico, junto con enfoques funcionales y fenotípicos, está comenzando a proporcionar nuevos conocimientos sobre los cambios adaptativos precisos que permiten la persistencia de *S. enterica* en diferentes nichos ambientales diversos y desafiantes (Seif et al., 2018).

2.4. Resistencia antimicrobiana de *Salmonella enterica*

El uso de agentes antimicrobianos para tratar casos gastrointestinales invasivos y graves ha disminuido las tasas de mortalidad por infecciones de NTS, y la terapia antimicrobiana veterinaria ha reducido el riesgo de zoonosis; sin embargo, han tenido un alto precio (Neuert et al., 2018). El aumento del uso de los medicamentos tradicionales de primera línea como ampicilina, cloranfenicol, estreptomicina, sulfonamidas y tetraciclina (ACSSuT) condujo rápidamente a la emergencia de *S.* Typhimurium resistentes a estos antibióticos en la década de 1980 (Centeno et al., 2018). La resistencia a las fluoroquinolonas, introducida para sortear este problema, se desarrolló principalmente como consecuencia del uso veterinario (Cuypers et al., 2018). Las cepas de NTS resistentes a las cefalosporinas, una alternativa al uso de fluoroquinolonas, se han detectado en Europa desde la década de 1990 (Alessiani et al., 2022).

Recientemente, la propagación de cepas multirresistentes (MDR) ha despertado preocupación, entre las que destacan el serovar *S.* Kentucky no susceptible a la

ciprofloxacina, cefalosporinas de espectro extendido, carbapenémicos, la mayoría de los aminoglucósidos, trimetoprima-sulfametoxazol y azitromicina (Hawkey et al., 2019), y el serovar S. Infantis, que posee resistencia a las cefalosporinas de tercera generación, tetraciclina, aminoglucósidos, sulfonamidas, fenicoles y fosfomicina (Tyson et al., 2021). Asimismo, se ha reportado resistencia frente a la azitromicina en diversos serovares de NTS (Hooda et al., 2019). Finalmente, la resistencia adquirida a la colistina, considerada el antimicrobiano utilizado como última opción terapéutica de muchos patógenos MDR, ya ha sido reportada para NTS (Portes et al., 2022).

2.5. Islas de patogenicidad de *Salmonella enterica*

Las islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI) se describen como grandes agrupaciones de genes insertadas en el cromosoma de *Salmonella* que contiene genes responsables de mediar interacciones específicas con el hospedador, siendo necesarios para la virulencia microbiana (Abuaita et al., 2021). Como ocurre con otras islas génicas patogénicas, los SPI tienden a tener un contenido de G+C más bajo (entre 37 y 47 %) que el resto del cromosoma bacteriano (alrededor del 52 %) y, a menudo, se insertan en genes de ARNt (Lerminiaux et al., 2020). Por lo tanto, es probable que los SPI se hayan adquirido por transferencia horizontal de fagos o plásmidos de origen desconocido, y están altamente conservados a través de los diversos serovares de *Salmonella* (Lawrence et al., 2021).

Existen múltiples regiones genómicas de *Salmonella* caracterizadas como SPI (Abuaita et al., 2021). Dentro de las más importantes se encuentran la isla de patogenicidad 1 (SPI-1), que desempeña un papel fundamental en la interacción entre la bacteria y las células hospederas promoviendo la invasión, empleando un complejo de aguja denominado sistema de secreción tipo 3 (T3SS), con la que *Salmonella* inyecta translocasas y proteínas efectoras en las células epiteliales; y la isla de patogenicidad 2 (SPI-2), que además de poseer un segundo T3SS, está relacionada con la supervivencia intracelular dentro de macrófagos y el mantenimiento de la vacuola contenedora de *Salmonella* (SCV) (Alghoribi et al., 2019; Lou et al., 2019). Además de ellas, se han descrito otras islas menores tales como la SPI-3, que juega un rol en la supervivencia

intracelular y el crecimiento en entornos pobres en magnesio; SPI-4 que alberga genes relacionados con la expulsión de toxinas y la inducción de muerte celular programada; SPI-5 que agrupa genes asociados a efectores del T3SS; SPI-6 asociada con la respuesta a estímulos externos y la translocación de proteínas al interior celular, medio ambiente o células huésped; entre otras más (Jajere et al., 2019). Una lista de las más importantes se describe en la Tabla 1.

Tabla 1. Características genéticas asociadas a las islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI)

SPI	Genoma de referencia	Número de acceso	Localización (pb)	Tamaño (Kb)	GC%
SPI-1	*S.* Typhimurium LT2	NC_003197	3005849–3048153	42.3	45.5
SPI-2	*S.* Typhimurium LT2	NC_003197	1461731–1501480	39.8	47.4
SPI-3	*S.* Typhimurium LT2	NC_003197	3948999–3985278	36.3	49.6
SPI-4	*S.* Typhimurium LT2	NC_003197	4477865–4501275	23.4	44.8
SPI-5	*S.* Typhimurium LT2	NC_003197	1175536–1182100	6.6	43.6
SPI-6	*S.* Typhimurium LT2	NC_003197	304666–351358	46.7	52.4
SPI-7	*S.* Typhi CT18	NC_003198	4409652–4542913	133.3	49.7
SPI-8	*S.* Typhi CT18	NC_003198	3132530–3139414	6.9	38.3
SPI-9	*S.* Typhi CT18	NC_003198	2743495–2759190	15.7	57.7
SPI-10	*S.* Typhi CT18	NC_003198	4683605–4716538	32.9	46.6
SPI-11	*S.* Typhimurium LT2	NC_003197	1326065–1334385	8.3	40.9
SPI-12	*S.* Typhimurium LT2	NC_003197	2330960–2345977	15	47.2
SPI-13	*S.* Typhimurium LT2	NC_003197	3276387–3301691	25.3	48.5
SPI-14	*S.* Typhimurium LT2	NC_003197	926180–933609	7.4	41.4

2.6. Plásmidos y otros elementos móviles de *Salmonella enterica*

Se han reportado diversas cepas de *S. enterica* capaces de albergar plásmidos conjugativos grandes que pueden portar genes que codifican resistencia a varias clases de antibióticos, incluidos β-lactámicos, tetraciclinas, aminoglucósidos y quinolonas (Jain et al., 2018). Sin embargo, aunque una célula puede albergar

múltiples plásmidos, deben ser de diferentes grupos de incompatibilidad. Es poco probable que los plásmidos del mismo grupo de incompatibilidad persistan en el mismo aislado, mientras que los plásmidos de diferentes grupos normalmente pueden coexistir sin problemas (Aljahdali et al., 2020). Los plásmidos de varios grupos de incompatibilidad se han asociado con diferentes genes de resistencia; siendo los primeros descritos los plásmidos tipo F, I1, X1 y N como los primeros portadores de genes que codifican betalactamasas en *S. enterica* durante la década de 1960 (McMillan et al., 2019). Por otro lado, los plásmidos IncA/C se han asociado con genes que confieren resistencia a aminoglucósidos, β-lactámicos, cloranfenicol, sulfonamidas, tetraciclinas y trimetoprima (Veeraraghavan et al., 2019).

Otros de los elementos móviles importantes para la diseminación de genes de resistencia y virulencia son los integrones (Rao et al., 2020). Los integrones tienen una estructura bien definida que consiste en: un gen de la integrasa (*intI*), que cataliza la integración de nuevos genes, el sitio de recombinación (*attI*) donde se integran los nuevos genes, y un promotor para expresar los genes incorporados; los genes incorporados se denominan casetes de genes y, a menudo, son genes de resistencia antimicrobiana (Néron et al., 2022). Si bien no son móviles de forma independiente, los integrones pueden ser movilizados por otros elementos, como plásmidos o transposones (Partridge et al., 2018). Los integrones se dividen en diferentes clases, siendo los integrones de clase 1 los más comúnmente informados entre los aislados clínicos de *S. enterica* (Argüello et al., 2018).

2.7. Filogenómica aplicada a *Salmonella enterica* no tifoidea

La masificación de las tecnologías de secuenciación ha permitido mayores estudios relacionados a los diferentes serovares de NTS que involucran construcción de árboles filogenómicos a los que se asocia marcadores de virulencia y resistencia, con el objetivo de obtener resultados que involucran identificación de serovares, identificación de las fuentes de los brotes, vigilancia epidemiológica, entre otros fines (Yin et al., 2020). Algunos estudios están enfocados en dilucidar la diversidad de serovares específicos de una determinada región, tales como un estudio realizado en Brasil de *Salmonella*

Typhimurium, uno de los serovares más prevalentes a nivel global, analizando SNPs de 90 cepas recuperadas entre 1983 y 2013; detectando dos linajes, uno más adaptado y disperso en Brasil, además de la detección de genes de resistencia asociados a aminoglucósidos, tetraciclinas, sulfonamidas, trimetoprimas, betalactámicos, fluoroquinolonas, fenicoles y macrólidos, así como la aparición de mutaciones cromosómicas en los genes *gyrA* y *parC* (Almeida et al., 2018).

Un estudio realizado en Francia empleó análisis genómico para estudiar 140 cepas recolectadas entre 2014 a 2015 de *S.* Derby, uno de los serovares más prevalentes en la carne de cerdo y aves; encontrándose cuatro linajes genéticamente distantes correspondientes a cuatro STs diferentes (ST-39, ST-40, ST-71 y ST682) que estaban asociados con hospederos animales y perfiles de resistencia específicos, determinando así la naturaleza polifilética de este serovar (Sévellec et al., 2018). Otra investigación realizada en Estados Unidos se enfocó en cepas de *S.* Heidelberg asociadas a un brote multiestatal en terneros, cuyo análisis de SNPs reveló que estos aislados formaban un grupo distinto junto con los aislados humanos, siendo su principal característica la ganancia de genes fimbriales *saf* que explicarían el aumento de la gravedad de la infección por este serovar en el ganado (Antony et al., 2018). Por su parte, investigadores de República Checa y Eslovaquia colaboraron para identificar la fuente de un brote transfronterizo de *S.* Bareilly ocurrido en el 2017, realizando un análisis del genoma central basado en MLST (cgMLST), encontrando así un aislado estrechamente relacionado con los aislados del brote en un producto a base de huevo en polvo, confirmando el origen de las infecciones y cerrando la planta de producción (Labská et al., 2021). En la literatura, podemos encontrar más ejemplos semejantes delimitados a un país, como el de distribución geográfica de linajes de *S.* Chester en Noruega (Siira et al., 2019), el de un brote de un *S.* Enteritidis asociado a alimentos procesados en China (Jiang et al., 2020), o estudios empleando el genoma completo que involucra la detección de plásmidos en aislados de *S.* Schwarzengrund en Taiwán (Li et al., 2021).

Sin embargo, existen estudios más ambiciosos que tratan de dilucidar la historia evolutiva de un serovar a nivel mundial, tales como un estudio enfocado en *S.*

Kentucky, serovar resistente a múltiples fármacos como el ciprofloxacino, que incluyó 121 genomas de los cinco continentes, cuyos resultaron arrojaron que pertenecen a un solo linaje, cuyo origen estuvo asociado a la adquisición de una SPI-1 que contenía los genes necesarios para la resistencia de antibióticos como ampicilina, sulfametoxazol y tetraciclina; clon que surgió en Egipto y posteriormente se extendió al sur y oeste de África, luego en el Medio Oriente, Asia y la Unión Europea, acumulando mutaciones de sustitución en las regiones determinantes de resistencia a quinolonas (QRDR) de los genes *gyrA* y *parC*, además de plásmidos que confieren resistencia al cloranfenicol, cefalosporinas de tercera generación, carbapenémicos y/o azitromicina (Hawkey et al., 2019). Otro estudio semejante engloba a *S.* Gallinarum, serovar que causa diarrea blanca con alta mortalidad en pollos, el cual incluyó 94 genomas recuperados de cepas entre 1962 y 2014 de cuatro países de tres continentes; empleando análisis de SNPs se reconstruyó la filogenia, detectándose cuatro linajes distintos asociados a su distribución geográfica, indicando pérdida o pseudogenización de genes funcionales implicados en el metabolismo y virulencia del serovar, pero a su vez adquiriendo múltiples profagos y plásmidos que permiten comprender su evolución (Hu et al., 2019); estudios que demuestran el poder resolutivo del análisis genómico.

2.8. Genómica comparativa de *Salmonella enterica* no tifoidea

Además de la filogenómica, la genómica comparativa es otro campo que ha ganado un mayor impacto gracias a la gran disponibilidad de genomas en bases de datos internacionales (Deblais et al., 2018). Un ejemplo es el realizado en *S.* Typhimurium recuperadas en Brasil durante 30 años, quienes por análisis comparativos determinaron diferencias sustanciales entre aislados de humanos, cerdos y aves que involucran una serie de proteínas ortólogas involucradas en procesos metabólicos y regulatorios (Seribelli et al., 2021). Por otro lado, la genómica comparativa ayudó a identificar las variaciones de una cepa de *S.* Enteritidis que ocasionó un brote multiestatal en Europa asociado a alimentos en el año 2014, comprobando que no se parecía genéticamente a ningún aislado previamente recuperado de dicho serovar, y que esta nueva cepa habría ganado mayor potencial virulento debido a eventos de recombinación con otras cepas

bacterianas (Pearce et al., 2018). De manera similar, en India, se realizaron comparaciones genómicas para determinar similitudes y diferencias que faciliten la identificación e historia evolutiva de *S.* Gallinarum, detectando diversidad concerniente a factores de virulencia, islas genómicas, regiones de profagos, casetes de toxina-antitoxina y genes de resistencia antimicrobianos entre los aislados analizados (Vaid et al., 2021).

Otros estudios de genómica comparativa se realizan entre diferentes serovariedades, y aunque son poco frecuentes, reportan datos interesantes, entre las que se encuentran un trabajo realizado con una colección de 450 cepas de *Salmonella* de animales enfermos para comprender mejor la composición genética de sus características de virulencia y resistencia, encontrándose que *S.* Enteritidis presentó la mayor cantidad de islas de patogenicidad (n=15), mientras que otras serovariedades como *S.* Mbandaka, *S.* Cerro, *S.* Meleagridis y *S.* Habana presentaron un número menor (n = 10) (Zhao et al., 2020).

2.9. Estudios genómicos de *Salmonella enterica* no tifoidea en Perú

Aunque la genotipificación de cepas de *S. enterica* mediante técnicas como el PCR y MLST ya se ha venido siendo aplicadas con mayor frecuencia gracias la disminución de los costos de la secuenciación de Sanger (Huarcaya et al., 2022), la secuenciación del genoma completo de *S. enterica* aún es poco aplicada en Perú, aunque se tienen algunos estudios recientes que proporcionan información interesante sobre el contexto genómico de esta bacteria en el país.

Uno de estos estudios fue aplicado en cepas clínicas de *S.* Infantis para conocer el perfil completo de multidrogorresistencia de esta bacteria, lo cual permitió comprender el incremento de su frecuencia de aislamiento y diseminación desde el año 2011 en Lima (Quino et al., 2019). Por otra parte, se ha aplicado filogenómica para entender la emergencia de *S.* Enteritidis, que ha causado brotes recientes en Perú (Quino et al., 2020a). Además, otro estudio realizado en *S.* Typhimurium, el serotipo de *S. enterica* más frecuente en el ámbito clínico de nuestro país, permitió entender la correlación entre la resistencia antimicrobiana detectada mediante métodos fenotípicos y genotípicos (Hurtado et al., 2022). Finalmente, se han realizado estudios genómicos de cepas

recuperadas de animales tales como las aves de corral (Vallejos-Sánchez et al., 2019) y cuyes (Carhuaricra et al., 2022), constituyendo un importante reservorio causante de infecciones humanas en el país.

III. HIPÓTESIS Y OBJETIVOS

3.1. Hipótesis

El Perú posee una gran variedad de secuenciotipos circulantes de *Salmonella enterica* no tifoidea aisladas de pacientes humanos, que poseen patrones de factores de virulencia y resistencia antimicrobiana altamente diversas que conllevan a la visualización de subpoblaciones dentro de un mismo serovar, compartiendo características comunes y divergencias en relación con lo observado a nivel global.

3.2. Objetivos

3.2.1. Objetivo General

Determinar la diversidad genómica y genes relacionados a la resistencia antimicrobiana de aislados de origen humanos de *Salmonella enterica* no tifoidea circulantes en Perú entre los años 1998-2018.

3.2.2. Objetivos específicos

1. Caracterizar a los aislados de origen humano de *Salmonella enterica* procedentes de muestras fecales mediante métodos bioquímicos, serológicos y moleculares.

2. Secuenciar el genoma completo de aislados de *Salmonella enterica* y determinar su relación genética y estructura filogenética en Perú y a nivel global entre los años 1998-2018.

3. Determinar la presencia de factores de virulencia dentro del contenido genómico de aislados de *Salmonella enterica*.

4. Determinar los patrones de susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella enterica* mediante métodos fenotípicos y genotípicos.

5. Comparar y contrastar el contenido genómico de los secuenciotipos de *Salmonella enterica* con mayor frecuencia circulantes en Perú entre los años 1998-2018.

IV. MATERIALES Y MÉTODOS

4.1. Materiales

4.1.1. Muestreo y población

La población de este estudio estuvo conformada por 2244 cepas caracterizadas como *Salmonella* no tifoidea (NTS) recibidas por el Laboratorio de Referencia Nacional de Bacteriología Clínica (LRN-BACLI) del Instituto Nacional de Salud (INS) de diferentes regiones del Perú, entre los años 1998 a 2018, en el marco de la Vigilancia Nacional de Patógenos Entéricos. La muestra para este estudio consistió en 1000 cepas de NTS recuperadas mediante cultivo microbiano. Los datos sobre el año y departamento de procedencia de los pacientes se pueden visualizar en el Anexo 1.

4.2. Métodos

4.2.1. Declaración de ética

El presente trabajo de tesis fue revisado y aprobado por el Comité de Bioética de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, bajo el código N.° 030-2022-CB-FCB-UNMSM (Anexo 2).

4.2.2. Dinámica poblacional de *Salmonella enterica* en el periodo de estudio

Los registros de 2244 cepas remitidas al INS entre los años 1998-2018 como NTS se cargaron en el software R v.4.3.1 para generar un diagrama de violín que permita evaluar la dinámica de las NTS durante el tiempo cubierto por el estudio. La biblioteca empleada fue ggplot2.

4.2.3. Caracterización bioquímica y serológica de *Salmonella enterica*

Las 1000 cepas seleccionadas se inocularon en Caldo Tripticasa Soya (Merck, Alemania) y se incubaron a una temperatura de 37°C de seis a ocho horas. A continuación, se cultivaron en Agar SS (Agar *Salmonella Shigella*; Merck, Alemania) incubandolas a 37°C de 18 a 24 horas. El género bacteriano se confirmó inicialmente mediante una batería bioquímicas. Asimismo, se evaluaron con antisueros tipo O y H (Bio Merieux, Francia) según el esquema de White-Kauffmann-Le Minor para la determinación de serovares (Silva et al., 2017).

4.2.4. Evaluación de la susceptibilidad antimicrobiana

La susceptibilidad antimicrobiana se determinó por el método de difusión en disco según los parámetros del Instituto de Estándares Clínicos y de Laboratorio (CLSI, 2020). Para ello, se seleccionaron colonias de 18-24 horas de *S. enterica*

cultivadas en agar Tripticasa Soya. Las colonias fueron suspendidas en solución salina al 0.85%, hasta alcanzar una turbidez equivalente al estándar 0.5 de Mc. Farland (1.5 x 10^8 UFC/mL). Posteriormente, utilizando un hisopo estéril, se sembró en toda la superficie de una placa de Agar Muelle-Hinton, realizando un estriado en tres direcciones, girando la placa 60° cada vez. Luego de dejar secar la superficie unos 5 minutos, se colocaron los discos de antimicrobianos a evaluar a una distancia mínima de 24 mm entre los centros de los discos y 15 mm del borde de la placa. Los antimicrobianos evaluados fueron: ampicilina (10 µg), cefotaxima (30 µg), ceftazidima (30 µg), cefoxitina (30 µg), cefepima (30 µg), amoxicilina/ácido clavulánico (20/10 µg), imipenem (10 µg), meropenem (10 µg), ácido nalidíxico (30 µg), ciprofloxacina (5 µg), tetraciclina (30 µg), sulfametoxazol-trimetoprima (25 µg) y cloranfenicol (30 µg). Las placas invertidas fueron incubadas a 37°C durante 16-18 horas, para posteriormente leer los diámetros de las zonas de inhibición empleando un calibrador vernier.

4.2.5. Caracterización molecular de *Salmonella enterica*

4.2.5.1. Extracción del material genético

El ADN se extrajo partiendo de cultivos puros de *Salmonella* en Agar Tripticasa Soya (Merck, Alemania) a 37°C de 18 a 24 horas, empleando el kit comercial DNeasy Blood & Tissue de la marca Qiagen (Hilden, Alemania), según lo indicado por el fabricante. Por su parte, la cuantificación del material genético se realizó mediante espectrofotometría en un equipo Denovix DS-11 FX (Delaware, Estados Unidos).

4.2.5.2 Identificación molecular de *Salmonella* a nivel de especie

Para la confirmación molecular del género *Salmonella* se amplificó el gen *invA* según el protocolo de Bhatta et al. (2007). Los primers empleados fueron 5'-ACAGTGCTCGTTTACGACCTGAAT-3' (forward) y 5'-AGACGACTGGTACTGATCGATAAT-3' (reverse). La PCR se ejecutó en un termociclador de la marca Labnet International (New Jersey, EEUU), y consistió en una denaturación inicial a 94 °C durante 2 minutos, seguida de 30 ciclos compuestos por denaturación a 94 °C por 30 segundos, alineamiento a 60 °C por 30 segundos y extensión a 72 °C por 2 minutos. El protocolo finalizó con una etapa de extensión final a 72 °C durante 10 minutos. La presencia del gen *invA* (244 pb) se confirmó mediante electroforesis en gel de agarosa al 1.5%, utilizando tinción con SYBR Safe (Thermo Scientific, Massachusetts, EE. UU.).

Adicionalmente, se realizó una confirmación de la especie *Salmonella enterica* usando un analizador MALDI-TOF MS (Mangmee et al., 2020). Para ello, se colocó una asada de cada cultivo en una placa Maldi Biotyper MSP de 96 pozos dejando secar a temperatura ambiental. Acto seguido, se añadió 1 µl de ácido α-cianó-4-hidroxicinnámico (HCCA) diluido en un solvente orgánico compuesto por ácido trifluoroacético (TFA) y Acetonitrilo (ACN), para posteriormente dejar secar a temperatura ambiente. Finalmente, la placa es llevada al espectrómetro de masas Microflex LT de la marca Bruker Daltonics® (Bremen, Alemania) para la obtención de los perfiles de masas de péptidos, los cuales fueron recuperados mediante el software Flex Control (Bruker Daltonics®). Se tomó a 2 como valor de score mínimo para la identificación de la especie bacteriana.

4.2.6. Preparación de librerías y secuenciación del genoma completo

Las cepas confirmadas por serotipificación, PCR y/o MALDI-TOF como *Salmonella enterica* fueron seleccionadas para la secuenciación mediante el equipo MiSeq de la marca Illumina (California, EE. UU), empleando una química paired-end de 2x250 pb.

Las librerías genómicas fueron preparadas utilizando el kit Nextera XT DNA Library Prep de Illumina® (California, EE. UU.). Las muestras de ADN genómico se diluyeron hasta alcanzar una concentración inicial de 0.2 ng/µL en un volumen final de 10 µL, cuantificadas mediante un fluorímetro Qubit (Invitrogen®, Massachusetts, EE. UU.). Posteriormente, se llevó a cabo la tagmentación del ADN, generando fragmentos de aproximadamente 300 pares de bases y adicionando secuencias adaptadoras específicas. A continuación, se realizó una reacción de PCR para amplificar los fragmentos tagmentados e incorporar índices Nextera, siguiendo este protocolo: incubación inicial a 72 °C por 3 minutos, desnaturalización a 95 °C por 30 segundos, seguida de 12 ciclos de desnaturalización a 95 °C por 10 segundos, alineamiento a 55 °C por 30 segundos y extensión a 72 °C por 30 segundos, finalizando con una extensión a 72 °C durante 5 minutos. La purificación del ADN amplificado se efectuó mediante perlas magnéticas AMPure XP (Beckman Coulter, California, EE. UU.), y el ADN fue eluído en 25 µL de buffer de resuspensión provisto por Illumina®. Posteriormente, las bibliotecas fueron evaluadas en gel de agarosa al 1.5 % para estimar el tamaño promedio de los fragmentos y normalizadas mediante el equipo Qubit. Finalmente, se mezclaron 5 µg de cada muestra para su

secuenciación, ajustando la concentración final a 4 nM. El preparado fue cargado en un cartucho de secuenciación de 500 ciclos (Illumina®) para su procesamiento.

4.2.7. Análisis bioinformático

4.2.7.1. Control de calidad de lecturas de secuenciación y ensamblaje de genomas

Los análisis bioinformáticos se ejecutaron empleando el sistema operativo GNU/Linux. Los datos crudos generados por el secuenciador (lecturas o reads) fueron sometidos a un análisis preliminar de calidad utilizando la herramienta FastQC v0.11.8 (Andrews, 2010). Posteriormente, se llevó a cabo el ensamblaje de novo de las lecturas mediante el software A5-miseq v20160825 (Coil et al., 2015). Finalmente, la evaluación de la calidad de los genomas ensamblados se realizó utilizando el programa QUAST v4.6.1 (Gurevich et al., 2013). Los criterios de inclusión serán genomas con menos de 500 contigs y el 90% de ellos pertenecientes a *Salmonella enterica*. Las lecturas de secuenciación fueron subidas a la base de datos del GenBank.

4.2.7.2. Caracterización genómica de *Salmonella enterica*

La asignación de los números alélicos y definición de secuenciotipo (ST) se ejecutó mediante la base de datos PubMLST para el género *Salmonella* (https://pubmlst.org/organisms/*Salmonella*-spp). Los siete loci considerados en la tipificación multilocus (MLST) para *Salmonella* spp. son: *aroC, dnaN, hemD, hisD, purE* y *thrA* (Achtman et al., 2012). Las relaciones genéticas poblacionales entre las *Salmonella enterica* recuperadas en este trabajo y otras cepas secuenciadas en estudios previos recuperados de la base de datos GenBank se realizó en base a los perfiles alélicos mediante BioNumerics v7.6.3. Asimismo, se realizó una comparación entre los STs de las cepas recuperadas en Perú y cepas de los diversos países de Sudamérica empleando la misma estrategia.

4.2.7.3. Análisis filogenético de *Salmonella enterica*

Se realizó una inferencia filogenética a nivel de Perú y Sudamérica, incluyendo los genomas recuperados en este trabajo y otros recuperados del GenBank que cumplan con los criterios de inclusión de genomas (menos de 500 contigs y el 90% de ellos pertenecientes a *Salmonella enterica*). El alineamiento de genomas se ejecutó con la herramienta Parsnp v1.2 (Treangen et al., 2014). La inferencia filogenética del genoma central se llevó a cabo mediante el método de Máxima

Verosimilitud, utilizando el software RAxML v8.2.4 (Stamatakis, 2014). El árbol fue construido bajo el modelo de sustitución GTR+G y se evaluó la robustez de los nodos mediante 1000 réplicas de bootstrap. Las regiones recombinantes fueron identificadas y eliminadas mediante el software ClonalFrameML (Didelot y Wilson, 2015). Para el análisis de la estructura poblacional, se empleó el algoritmo hierBAPS, implementado en el entorno de programación R (Tonkin-Hill et al., 2018). Finalmente, los resultados fueron visualizados mediante la plataforma en línea Microreact (Argimón et al., 2016).

Además, se realizó una inferencia filogenética a nivel de los STs más frecuentes reportados en Perú, incluyendo además genomas de otras regiones del mundo del Genbank con los criterios previamente mencionados.

4.2.7.4. Detección de genes de resistencia, virulencia y elementos genéticos móviles de *Salmonella enterica*

La predicción de secuencias codificantes se realizó con el programa Prodigal v2.6.3 (Hyatt et al., 2010). La detección de islas de patogenicidad y genes de virulencia se realizó mediante un script en python diseñado específicamente para ejecutar el análisis mediante el algoritmo Blast Score Ratio (BSR)., incluyendo genes con una cobertura de alineamiento mayor al 60% y una identidad mayor al 90% (Mestanza, 2019). Las islas de patogenicidad se detectaron a partir de la base de datos PAIDB v2.0 (Yoon et al., 2015), mientras que los genes de virulencia se detectaron a partir de la base de datos de virulencia para patógenos bacterianos VFDB v6.0 (Chen et al., 2005).

Los genes asociados a la resistencia antimicrobiana se detectaron mediante Staramr (Bharat et al., 2022) empleado dos bases de datos: Una de mutaciones cromosómicas, PointFinder v4.7.2 (Zankari et al., 2017), y una de genes obtenidos por transferencia genética horizontal, ResFinder v4.7.2 (Florensa et al., 2022). Por otro lado, la detección de plásmidos se realizó con el programa PlasmidFinder v2.2.0 (Carratoli y Hasman, 2020), mientras que para la búsqueda de profagos completos se utilizó PHASTER (Arndt et al., 2016). Toda la información obtenida en esta sección se anexó a la filogenia previamente obtenida a manera de matriz de presencia/ausencia de genes, y la posición de los genes en cada uno de los secuenciotipos con mayor frecuencia en el Perú fue graficada mediante mapeo a través de la herramienta BRIG v0.95 (Alikhan et al., 2011).

4.2.7.5. Pangenoma y genómica comparativa de los secuenciotipos más frecuentes de *Salmonella enterica*

Se construyó una base de datos local de genes anotados utilizando los genomas disponibles de *Salmonella enterica* en GenBank, los cuales sirvieron como base para anotar los genomas de este trabajo empleando el programa Prokka (Seemann, 2014). El análisis del pangenoma de todos los genomas recuperados en Perú se realizó empleando Roary v3.11.2 (Page et al., 2015), el cual estuvo basado en la información de los genes anotados. Los resultados del análisis del pangenoma fueron visualizados mediante Phandango (Hadfield et al., 2018). Adicionalmente, los genes codificantes fueron clasificados funcionalmente según las categorías definidas en la base de datos Clusters of Orthologous Groups (COG) (Tatusov et al., 2000).

Por otro lado, se utilizó Anvi'o v1.2.2 (Eren et al., 2021) para analizar el pangenoma de las ST más frecuentes que circularon en el Perú. Para lograrlo, se seleccionaron aleatoriamente 10 genomas de cada una de las ST más frecuentes y se utilizaron para construir una matriz de datos genómicos utilizando el *script anvi-gen-contigs-database*. Posteriormente, se ejecutó el *script anvi-setup-ncbi-cogs* para realizar la anotación de esos genomas, seguido del uso del *script anvi-pan-genome* para construir el pangenoma. Finalmente, se ejecutó el *script anvi-compute-genome-similitud* para calcular la similitud entre los genomas analizados. Los resultados fueron visualizados empleando el *script anvi-display-pan*, mientras que los genes accesorios identificados en cada grupo fueron evaluados mediante el uso de BLAST (Altschul et al., 1990).

Adicionalmente, la información obtenida de PlasmidFinder se utilizó para realizar un análisis comparativo de los plásmidos detectados con mayor frecuencia entre los ST. Este análisis se realizó utilizando BRIG v0.95 (Alikhan et al., 2011), con un umbral de identidad >60% de la referencia utilizada.

V. RESULTADOS

5.1. Distribución temporal de *Salmonella enterica* no tifoidea (NTS) en Perú

La distribución de la población total de NTS (N=2244) remitidas al INS reveló el predominio de *S.* Enteritidis y *S.* Typhimurium sobre los otros serovares reportados desde 1998 hasta principios de 2010. Si bien la frecuencia de *S.* Enteritidis disminuyó con el tiempo, la frecuencia de *S.* Typhimurium se mantuvo constante durante todo el período estudiado. El cambio más significativo se produjo en el año 2010, con la aparición abrupta de múltiples reportes de *S.* Infantis, desplazando en proporción a los dos serovares más frecuentes hasta esa fecha, y ocupando la primera posición de frecuencia hasta el año 2018 (Figura 1).

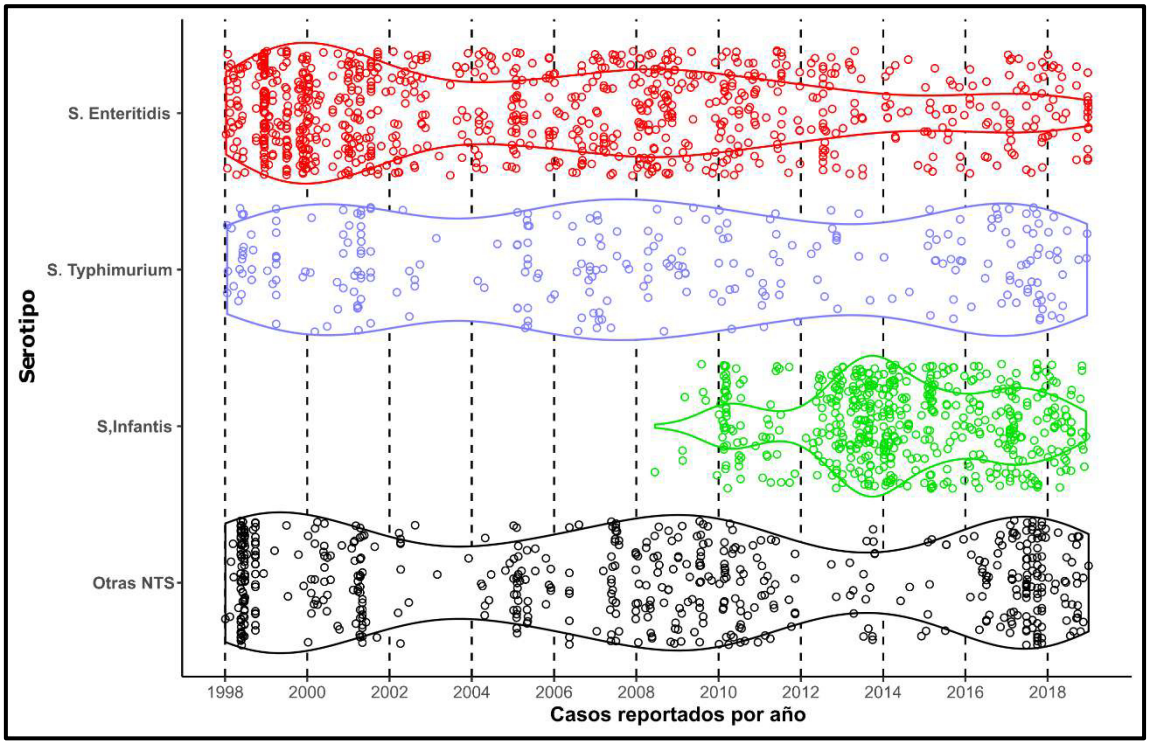


Figura 1. Distribución temporal de NTS en Perú basado en el año en el que se aislaron las cepas. Los puntos indican la fecha de aislamiento de cada cepa remitida al INS.

5.2. Identificación bioquímica y serológica de *Salmonella enterica*

De las 1000 cepas de *Salmonella enterica* incluidas en este trabajo, se detectaron 158 cepas con colonias atípicas o contaminadas, por lo cual solo se incluyeron en los análisis posteriores a las 842 cepas axénicas. Las colonias

características de *Salmonella enterica* en agar *Salmonella* Shigella fueron incoloras, de forma circular, borde entero, elevación convexa y centro de color negro por producción de H_2S (Figura 2). Todas las cepas fueron oxidasa negativa.

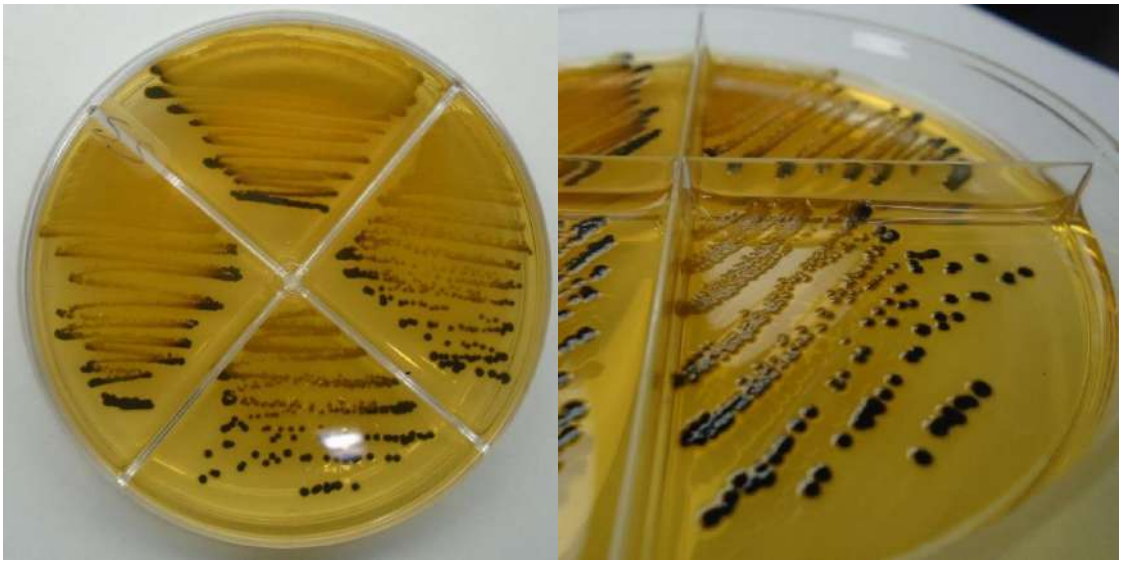


Figura 2. Características de las colonias de *Salmonella enterica* sembradas en agar *Salmonella Shigella*

Por otro lado, el perfil bioquímico de *Salmonella enterica* fue similar para casi todas las cepas analizadas (Tabla 1, Figura 3), siguiendo lo descrito previamente para *Salmonella enterica* (Brenner et al., 2007):

- **Agar Tres Azúcares Hierro (TSI):** Incapacidad para fermentar la lactosa, fermentación de la glucosa con producción de gas, y producción de H_2S detectada mediante oscurecimiento del medio de cultivo.
- **Agar Lisina descarboxilasa (LIA):** Productora de lisina descarboxilasa.
- **Agar Citrato:** Empleo del citrato como fuente de carbono.
- **Agar Sulfuro Indol Motilidad (SIM):** Producción de H_2S por oscurecimiento del agar, negativa al indol al adicionar el reactivo de Kovacs y motilidad positiva detectada por una turbidez del agar.
- **Agar urea de Christensen:** Incapacidad para hidrolizar la urea.
- **Fermentación de manosa, manitol y adonitol:** Producción de ácidos por fermentación de azucares.
- **Prueba de la beta galactosidasa (ONPG):** Incapacidad para sintetizar la enzima beta galactosidasa.
- **Agar Tartrato de Jordan:** Fermentación del tartrato de sodio.

Tabla 2. Características bioquímicas de *Salmonella enterica*

Medio de cultivo empleado	Prueba bioquímica	Resultado esperado
Agar TSI	Oxidación y fermentación de azucares	K/A
	Producción de gas	+
	Producción de H_2S	+
Agar LIA	Descarboxilación de la lisina	+
Agar Citrato	Uso del citrato	-
Agar SIM	Producción de H_2S	+
	Producción de indol	-
	Motilidad	+
Agar Urea de Christensen	Hidrólisis de la urea	-
Caldo rojo de fenol	Fermentación de manosa	+
	Fermentación de manitol	+
	Fermentación de adonitol	+
ONPG	Síntesis de beta galactosidasa	-
Agar tartrato de Jordan	Fermentación del tartrato de sodio	+

A: Acidez; **K:** Alcalinidad; **+:** Positivo; **-:** Negativo.



Figura 3. Reacción bioquímica convencional de *Salmonella enterica*

Además, el resultado de la serotipificación de las 842 cepas permitió identificar 26 serovares diferentes, siendo *S.* Enteritidis el más frecuente (n=242, 28.74%), seguido de *S.* Infantis (n=209, 24.82%) y *S.* Typhimurium (n=135, 16.03%). La Tabla 3 muestra un resumen de las frecuencias de las serovariedades tipificadas en este estudio, mientras que en el Anexo 1 se puede revisar a detalla la serovariedad detectada para cada cepa analizada.

Tabla 3. Serovariedades de *Salmonella* no tifoidea identificadas en este estudio.

Serovar identificado	Numero de cepas	Porcentaje (%)
Enteritidis	242	28.74
Infantis	209	24.82
Typhimurium	135	16.03
Newport	94	11.16
Mbandaka	53	6.29
Corvallis	15	1.78
Senftenberg	12	1.43
Anatum	10	1.19
Kentucky	9	1.07
Oranienburg	9	1.07
Agona	8	0.95
Braenderup	6	0.71
Dublin	5	0.59
Gallinarum	5	0.59
Hadar	5	0.59
Cerro	3	0.36
Albany	2	0.24
Derby	2	0.24
Havana	2	0.24
Ohio	2	0.24
Rissen	2	0.24
Brandenburg	1	0.12
Breda	1	0.12
Indiana	1	0.12
Panama	1	0.12
Saintpaul	1	0.12
TOTAL	842	100.00

5.3. Susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella enterica*

Se detectó una elevada tasa de resistencia a diferentes familias de antibióticos. La mayor frecuencia del fenotipo resistente/intermedio a los antimicrobianos se detectó para ciprofloxacina (74.11%), nitrofurantoína (52.02%) y ácido nalidíxico

(37.17%), seguidos de tetraciclina (28.74%) sulfametoxazol-trimetoprima (24.23%), ampicilina (19.95%) y cefotaxima (18.29%). Por otro lado, el fenotipo de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) fue detectado en el 24.8% las cepas evaluadas, todas ellas tipificadas como *S*. Infantis (Figura 4). La frecuencia de resistencia para todos los antimicrobianos empleados se puede encontrar en la Tabla 3, mientras que los resultados del ensayo de susceptibilidad antimicrobiana por cepa ensayada se pueden visualizar en el Anexo 3.

Tabla 4. Frecuencia de resistencia a los antimicrobianos de *Salmonella enterica* incluidas en este estudio.

Antimicrobiano	Fenotipo	Frecuencia	Porcentaje (%)
Ampicilina	**R/I**	168	19.95
	S	674	80.05
Amoxicilina-Ác. clavulánico	**R/I**	23	2.73
	S	97.27	404
Cefotaxima	**R/I**	154	18.29
	S	688	81.71
Ceftazidima	**R/I**	88	10.45
	S	754	89.55
Ciprofloxacina	**R/I**	624	74.11
	S	218	25.89
Ácido nalidíxico	**R/I**	313	37.17
	S	529	62.83
Sulfametoxazol-trimetoprima	**R/I**	204	24.23
	S	638	75.77
Tetraciclina	**R/I**	242	28.74
	S	600	71.26
Cloranfenicol	**R/I**	117	13.90
	S	725	86.10
Nitrofurantoína	**R/I**	438	52.02
	S	404	47.98
Imipenem	**R/I**	14	1.66
	S	828	98.34

Meropenem	**R/I**	0	0
	S	842	100

R/I: Fenotipo resistente/intermedio; **S:** Fenotipo sensible.

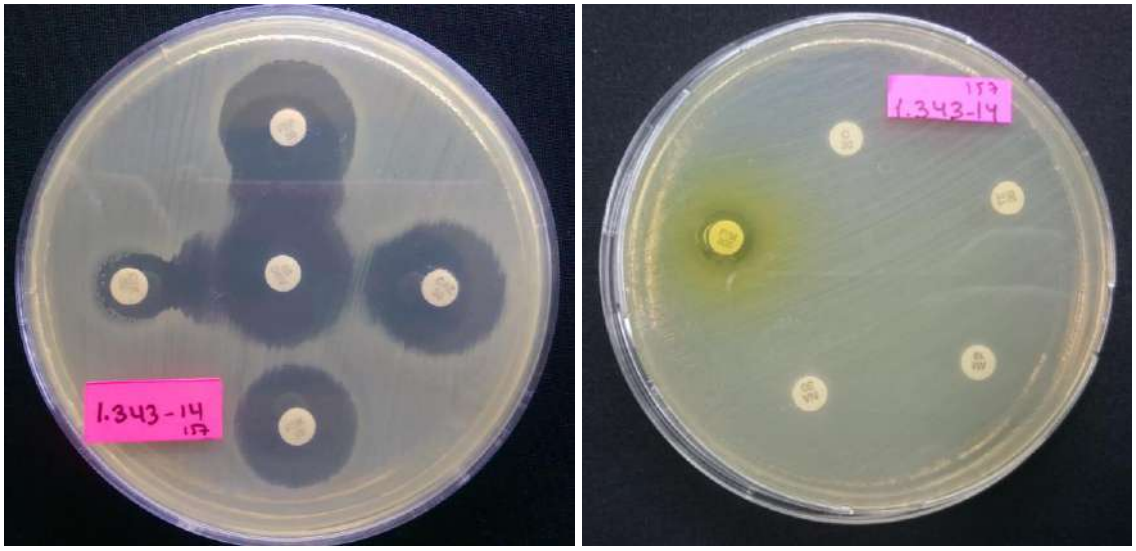


Figura 4. Susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella enterica*. **Izquierda:** Fenotipo BLEE positivo. **Derecha:** Multidrogorresistencia a multiples familias de antimicrobianos.

5.4. Identificación molecular de *Salmonella enterica*

Las 842 cepas evaluadas presentaron una amplicón de 244 pb que pertenecieron al gen *invA* (Figura 5), confirmándolas molecularmente como cepas de *Salmonella*.

Por otro lado, los resultados obtenidos por MALDI-TOF revelaron espectros de masas compuestos por diferentes picos obtenidos tras la ionización y desorción de los péptidos y pequeñas proteínas de las bacterias analizadas, con un rango entre 2.000-10.000 Da (Figura 6). Todos los espectros coincidieron en que las cepas pertenecían a la especie *Salmonella enterica* con un score superior a 2.

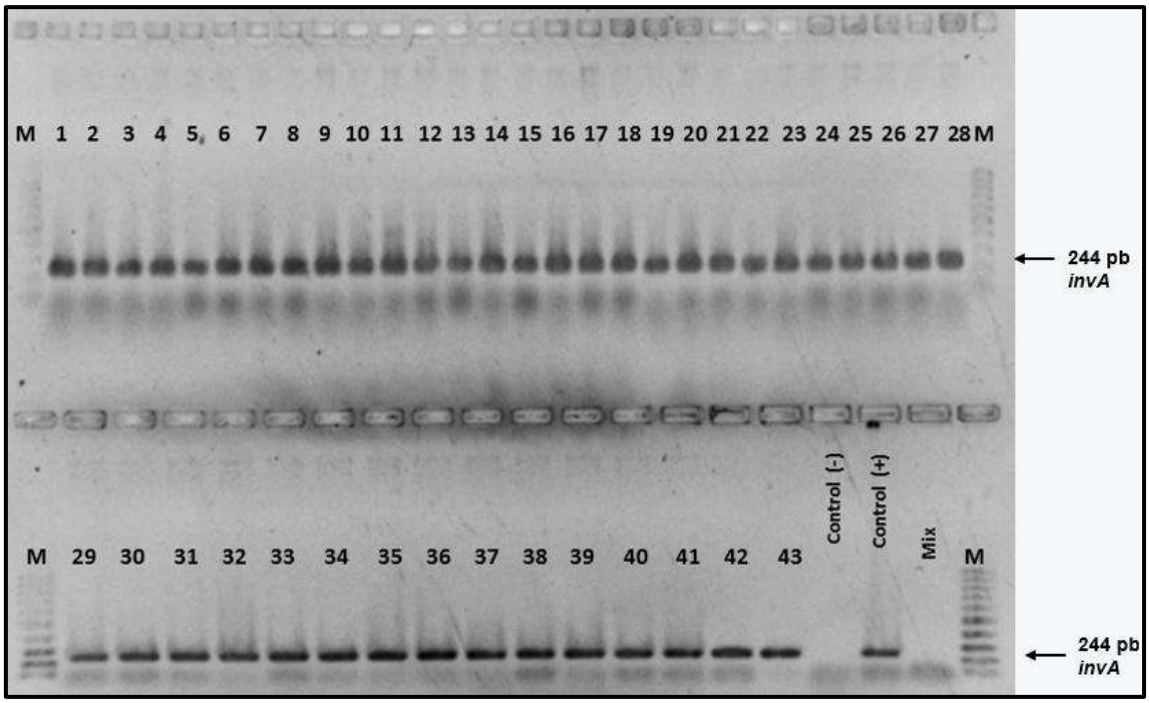


Figura 5. Electroforesis en agarosa para la detección del gen *invA* en *Salmonella enterica*. Los números indican el orden de cada cepa asignado en este trabajo, según el Anexo 1. La presencia del gen fue confirmada mediante la visualización de un amplicón de 244 pb. Mix: Control del master mix. M: Marcador molecular de 100 pb

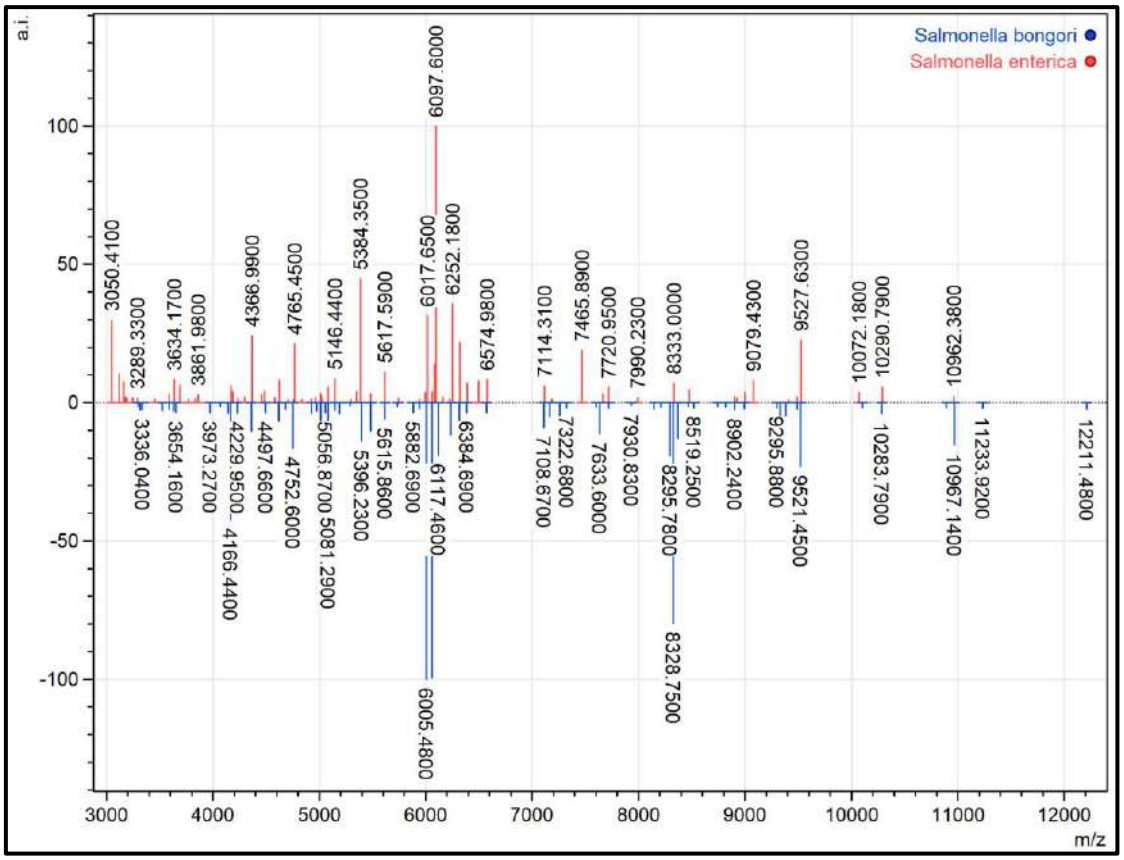


Figura 6. Comparación de espectros de masa con carga +1 de una cepa de *Salmonella enterica* y *Salmonella bongori* obtenido mediante MALDI-TOF. El espectro del rango de las proteínas abarcó entre 3.000-12.000 Da.

5.5. Métricas de los genomas secuenciados y ensamblados

El tamaño del genoma promedio obtenido de las métricas de las 842 cepas fue de 4.79 Mb, un número de *contigs* de 115, un %G+C del 52.02% y un L50 de 17 contigs. Las métricas por genoma secuenciado del estudio se pueden observar en el Anexo 4.

5.6. Secuenciotipos de *Salmonella enterica* identificados en Perú

Se recuperaron 280 genomas recuperados del GenBank (Anexo 5), los cuales cumplían los criterios de calidad de genoma establecidos en este trabajo, por lo que se obtuvieron, junto a las 842 cepas recuperadas aquí, 1122 genomas de cepas circulantes en Perú.

Del set de genomas final, se identificaron 40 secuenciotipos diferentes, así como dos genomas con perfiles MLST definidos y diferentes, pero sin ST asignado. Los secuenciotipos con mayor frecuencia fueron: ST-32 correspondiente al serovar Infantis (418, 37.25%), seguido del ST-11 correspondiente al serovar

Enteritidis (267, 23.8%), ST-19 correspondiente al serovar Typhimurium (159, 14.17%), ST-31 correspondiente al serovar Newport (76, 6.77%) y ST-413 correspondiente a Mbandaka (53, 4.72%). Todos los secuenciotipos correspondieron a un único serovar, pero algunos serovares estuvieron representado por varios secuenciotipos, tales como el serovar Infantis (ST-32 y ST-2937) Newport (ST-31, ST-45 y ST-118), Anatum (ST-64 y ST-2858), Oranienburg (ST-23 y ST-174), Senftenberg (ST-14 y ST-210) y Ohio (ST-329 y uno no determinado). La frecuencia de secuenciotipos a detalle y sus serovares asociados se pueden visualizar en la Tabla 4.

Tabla 5. Secuenciotipos de *Salmonella* no tifoidea aislados en Perú.

Secuenciotipo	Serovar	Frecuencia	Porcentaje (%)
ST-10	Dublin	5	0.45
ST-11	Enteritidis	267	23.80
ST-13	Agona	9	0.80
ST-14	Senftenberg	11	0.98
ST-17	Indiana	1	0.09
ST-19	Typhimurium	159	14.17
ST-22	Braenderup	7	0.62
ST-23	Oranienburg	4	0.36
ST-26	Thompson	1	0.09
ST-31	Newport	76	6.77
ST-32	Infantis	418	37.25
ST-33	Hadar	5	0.45
ST-40	Derby	2	0.18
ST-45	Newport	18	1.60
ST-48	Panama	1	0.09
ST-50	Saintpaul	1	0.09
ST-64	Anatum	9	0.80
ST-65	Brandenburg	1	0.09
ST-68	Choleraesuis	2	0.18
ST-78	Gallinarum	5	0.45
ST-118	Newport	1	0.09
ST-126	Sandiego	2	0.18

ST-152	Kentucky	9	0.80
ST-174	Oranienburg	6	0.53
ST-210	Senftenberg	1	0.09
ST-292	Albany	2	0.18
ST-329	Ohio	2	0.18
ST-413	Mbandaka	53	4.72
ST-457	Livingstone	1	0.09
ST-469	Rissen	2	0.18
ST-582	Kottbus	1	0.09
ST-1291	Cerro	3	0.27
ST-1524	Havana	2	0.18
ST-1541	Corvallis	15	1.34
ST-2293	Dortmund	1	0.09
ST-2405	Carrau	2	0.18
ST-2858	Anatum	2	0.18
ST-2937	Infantis	2	0.18
ND	Breda, Ohio	2	0.18

ND: No determinado

Del conjunto de datos del genoma final (n = 1122), se obtuvo al menos una cepa NTS de 21 regiones peruanas (Figura 7a): Ancash (n = 26), Apurímac (n = 6), Arequipa (n = 10), Ayacucho (n = 2), Cajamarca (n = 19), Callao (n = 25), Cuzco (n = 10), Huánuco (n = 3), Ica (n = 10), Junín (n = 7), La Libertad (n = 34), Lambayeque (n = 38), Lima (n = 638), Loreto (n = 8), Madre de Dios (n = 4), Moquegua (n = 7), Piura (n = 1), Puno (n = 3), Tacna (n = 4), Tumbes (n = 6) y Ucayali (n = 1), además de un grupo de cepas sin registro exacto de origen (n = 260). En cuanto a la frecuencia de los secuenciotipos en función al año de aislamiento, se destaca la predominancia del ST-11 (Enteritidis) entre los años 1998 al 2009, hasta que ocurre un cambio en el año 2010, donde se incrementa la frecuencia del ST-32 (Infantis), la cual supera a la del ST-11, una predominancia que se mantiene hasta el año 2018 (Figura 7b).

Por otro lado, se ejecutó un diagrama de expansión mínima (MST) empleando los perfiles MLST de todas las cepas, incluidas las de este trabajo (Anexo 6). El MST reveló al ST-32 (Infantis) como el grupo más grande, seguido del ST-11

(Enteritidis), ST-19 (Typhimurium), ST-31 (Newport) y ST-413 (Mbandaka). Algunos serovares representados por más de un secuenciotipo formaron nodos cercanos, con una diferencia de un único alelo, tales como *S.* Infantis, *S.* Anatum y *S.* Ohio, mientras que otros serovares presentaron más de dos diferencias alélicas entre sus secuenciotipos, tales como S. Newport, S. Oranienburg y S. Senftenberg (Figura 8).

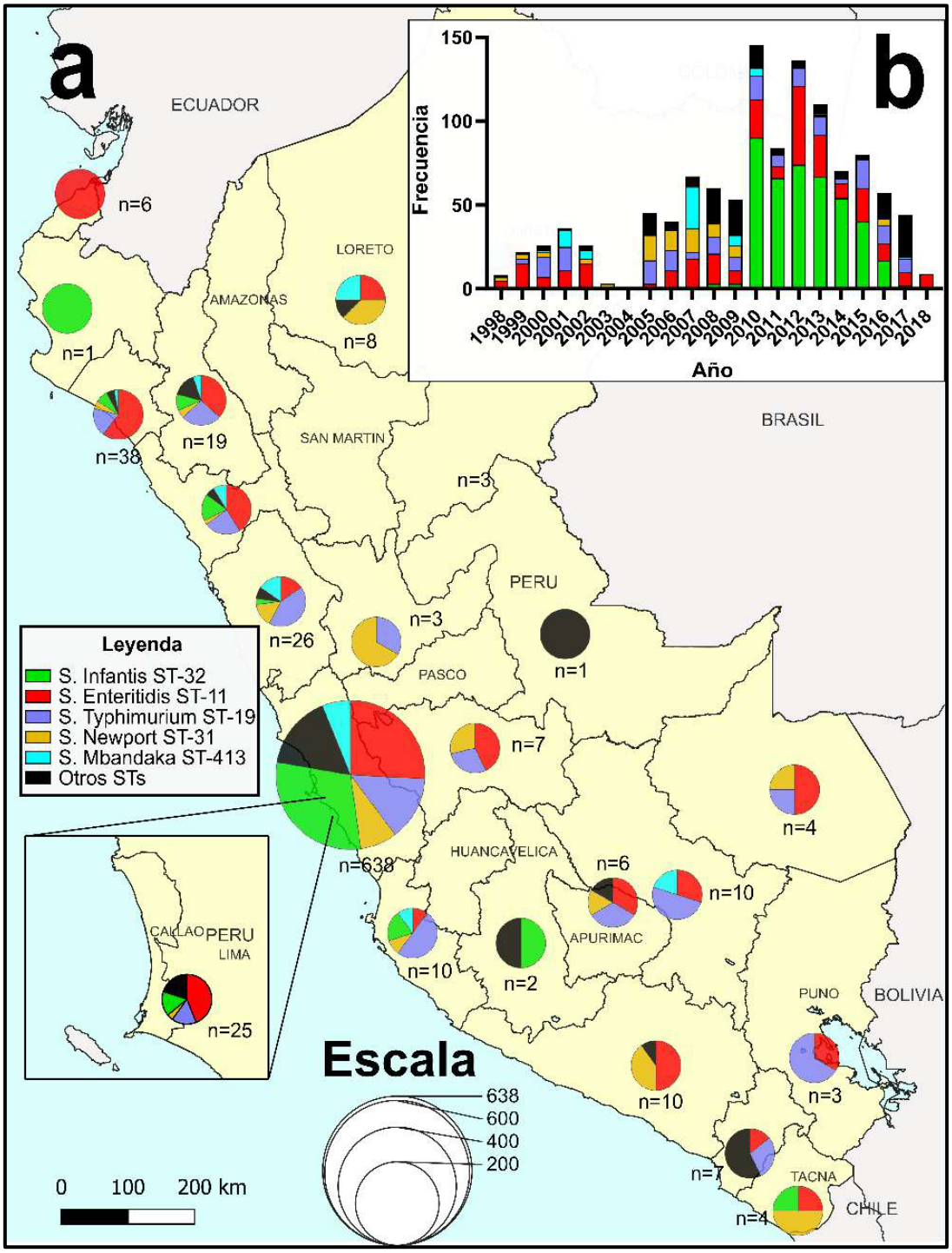


Figura 7. a) Mapa de Perú que indica el origen geográfico de los genomas de NTS utilizados en este estudio (n = 1122). El tamaño de los gráficos circulares indica el número de cepas de cada región, y cada gráfico circular se colorea según los ST detectados por región. b) Frecuencia de los genomas de NTS secuenciados durante el período 1998-2018. Cada porción de las barras apiladas se colorea según los ST detectados por año.

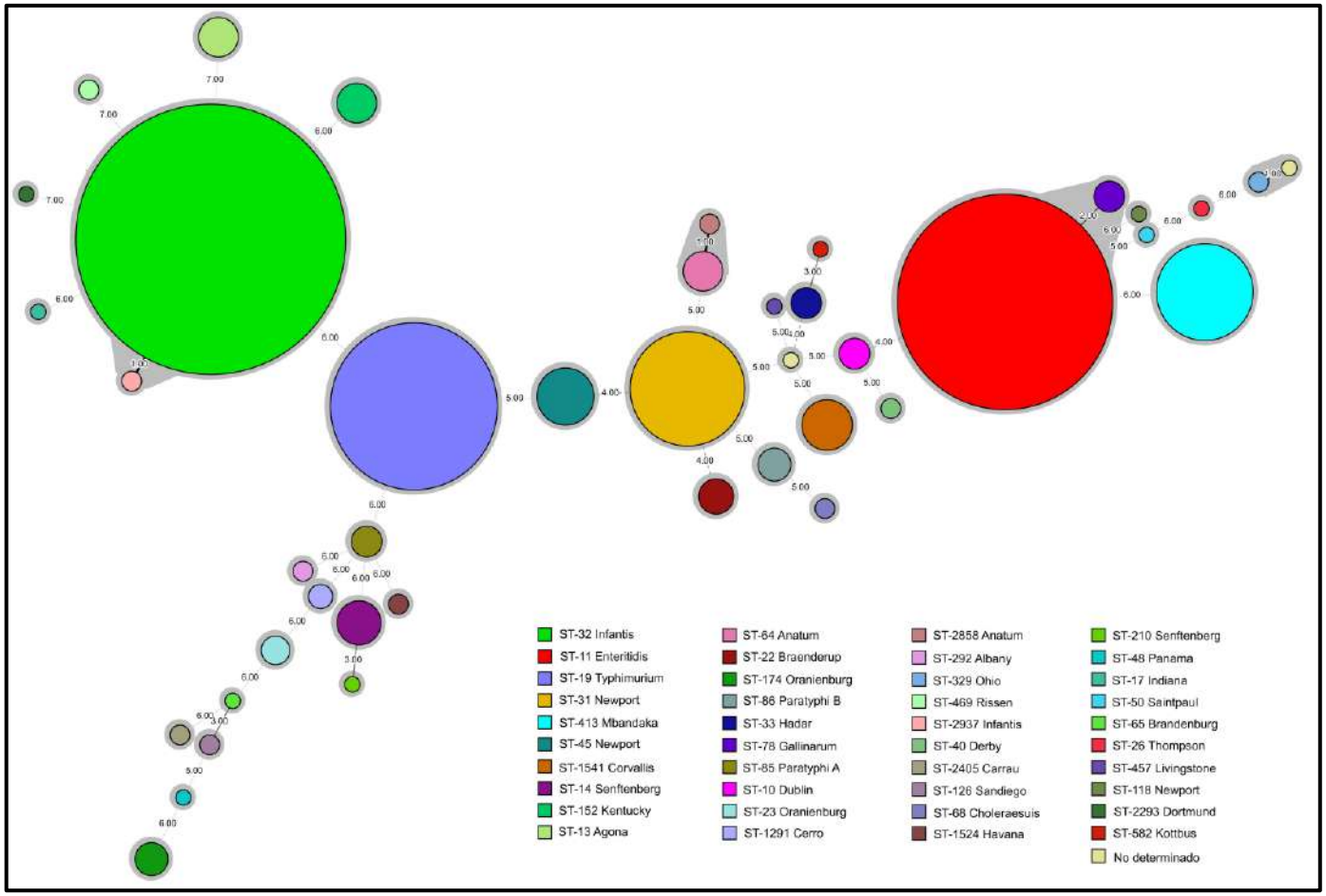


Figura 8. Diagrama de expansión mínima de 1122 genomas de *Salmonella enterica* no tifoidea aisladas en Perú. El tamaño de cada nodo es proporcional a la cantidad de cepas que corresponden a ese secuenciotipo. Los números en las ramas representan las diferencias alélicas entre secuenciotipos, según el análisis de MLST.

5.7. Secuenciotipos de *Salmonella enterica* de Perú bajo el contexto Sudamericano

Se recuperaron genomas ensamblados de buena calidad de cepas secuenciadas en Brasil (n=2644), Chile (n=2461), Ecuador (n=585), Colombia (n=207), Argentina (n=139), Venezuela (n=42), Guyana (n=30), Paraguay (n=29), Surinam (n=15), Bolivia (n=13) y Uruguay (n=2), los cuales, sumado a las cepas peruanas (n=1122), dan un total de 7289 genomas secuenciados en Sudamérica.

Se detectaron 211 secuenciotipos diferentes a nivel de Sudamérica, así como 124 cepas con perfiles MLST definidos, pero sin ST asignado. Brasil fue el país con el mayor número de ST reportados (140), seguido de Chile (70) y posteriormente Perú en la tercera posición (40), cuya frecuencia es muy cercana a la obtenida para Ecuador (39) y Colombia (38). Los países restantes presentaron frecuencias iguales o menores a 29 STs (Figura 9, Anexo 7).

Por otro lado, los secuenciotipos con mayor frecuencia a nivel de Sudamérica son compartidos por más de dos países. El ST-32 (Infantis) fue el más prevalente (n=1613), seguido del ST-11 (Enteritidis, n=917) y el ST-19 (Typhimurium, n=824), cuyas frecuencias son semejantes a lo observado en Perú (Figura 8, Anexo 8). Sin embargo, la frecuencia que ocupa la cuarta posición en Sudamérica corresponde al ST-15 (Heidelberg, n=430), secuenciotipo no detectado en los genomas de Perú incluidos en el estudio, pero si fue encontrado en países como Brasil, Chile, Colombia, Argentina y Venezuela. En efecto, dentro de los 10 secuenciotipos más frecuentes a nivel de Sudamérica, solo el ST-15 no está reportado para Perú (Figura 10, Anexo 8).

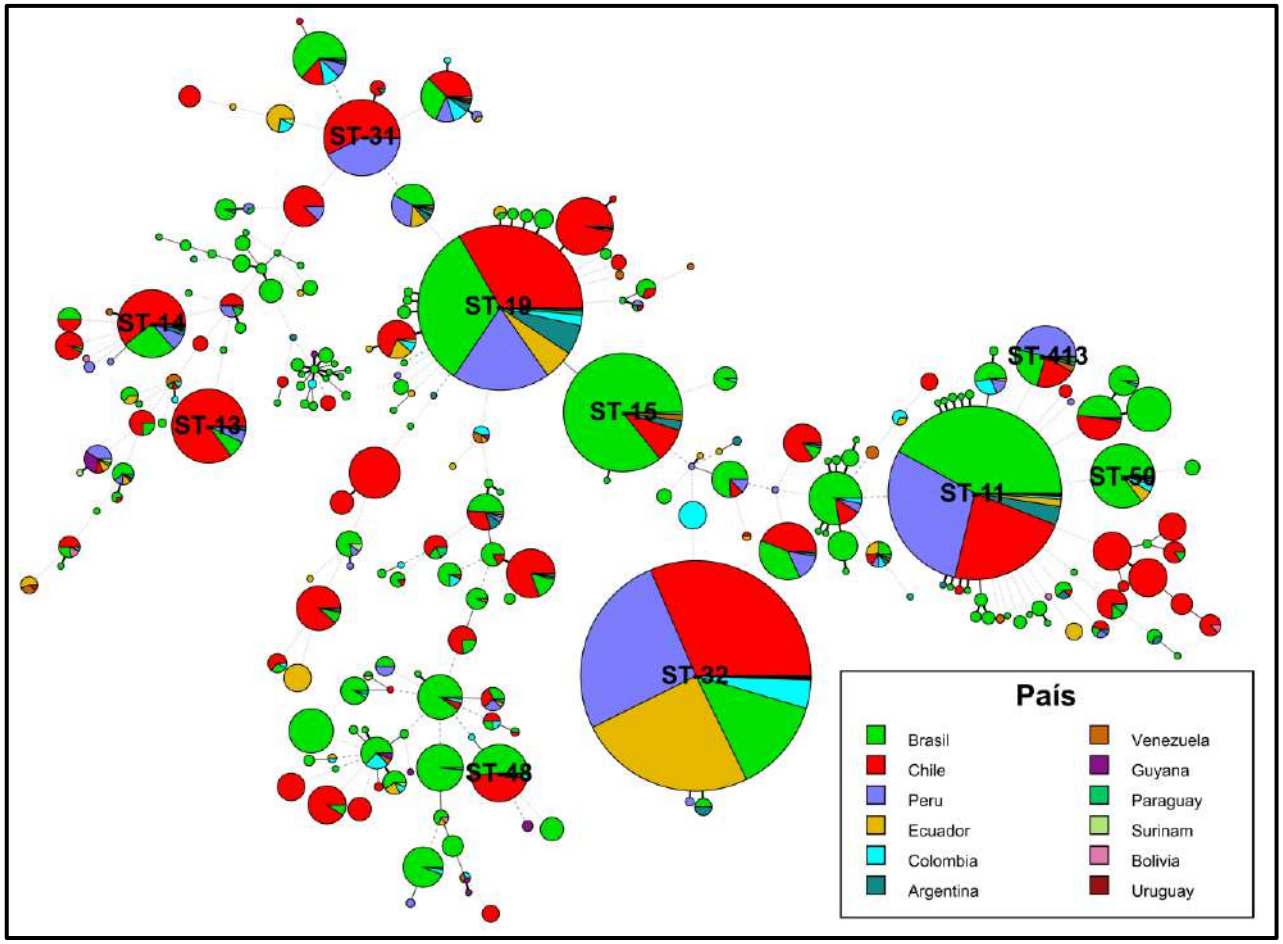


Figura 9. Diagrama de expansión mínima de 7289 genomas de *Salmonella enterica* no tifoidea aisladas en Sudamérica. El tamaño de los nodos refleja la cantidad de cepas asociadas a cada secuenciotipo, mientras que los colores indican el país de origen de los aislamientos. Se identifican además los secuenciotipos correspondientes a los diez grupos más prevalentes.

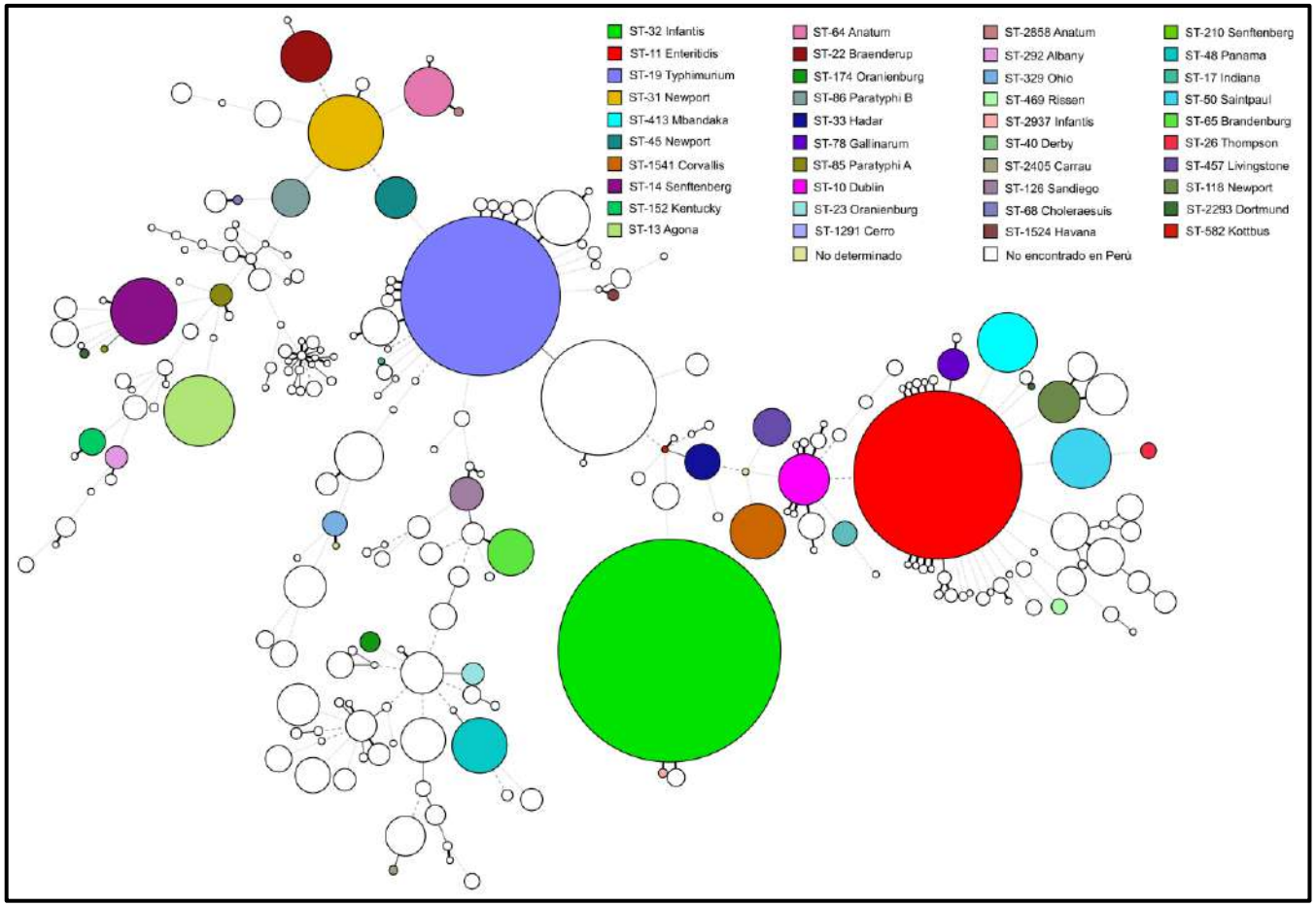


Figura 10. Diagrama de expansión mínima de genomas de *Salmonella enterica* aisladas en Sudamérica y su contraste con los genomas peruanos. El tamaño de los nodos es proporcional al número de cepas asociadas a cada secuenciotipo. Los nodos de los secuenciotipos detectados en Perú se muestran en color, mientras que los no reportados se representan sin color.

5.8. Filogenia de *Salmonella enterica* no tifoidea recuperados en Perú

La filogenia inferida por máxima verosimilitud empleando los 1122 genomas de cepas peruanas reveló la alta clonalidad de los secuenciotipos detectados, agrupándolos en clados individuales correspondientes a un único ST, y con valores de soporte cercanos al 100%. Por otro lado, las distancias entre secuenciotipos diferentes son elevadas, siendo representadas con ramas largas dentro del árbol filogenético (Figura 11). La distribución de los secuenciotipos es semejante a lo observado en el diagrama recubridor mínimo mostrado en la Figura 8.

Por su parte, el análisis de la estructura poblacional definidas por el método bayesiano reveló la presencia de quince subpoblaciones, las cuales fueron numeradas del 1 al 15. Las subpoblaciones más grandes resultaron ser las mismas que la de los clados de los secuenciotipos más frecuentes, mientras que las más pequeñas resultaron de la unión de dos o más secuenciotipos de baja frecuencia. Además, no se observaron incongruencias entre los clados formados por la inferencia filogenética y las poblaciones definidas por análisis bayesiano (Figura 11).

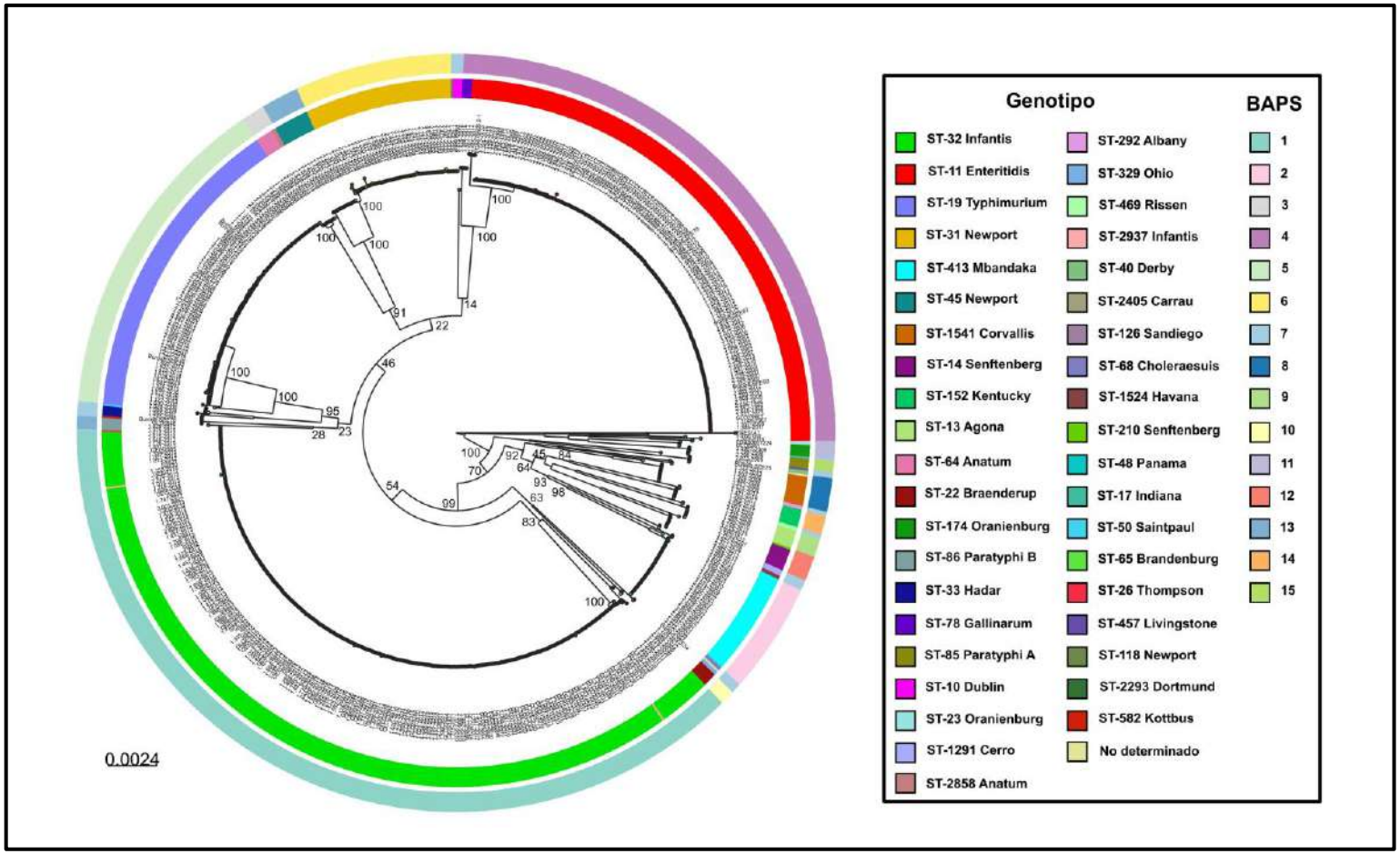


Figura 11. Árbol de máxima verosimilitud de 1122 cepas de *S. enterica* no tifoidea aislados en Perú, inferido utilizando 1000 réplicas de bootstrap bajo el modelo de sustitución GTR+I+G. El circulo interno indican el secuenciotipo al cual pertenece cada cepa, mientras que el circulo externo indica las subpoblaciones según hierBAPS.

5.9. Filogenia de *S.* Enteritidis ST-11 bajo el contexto mundial

A nivel mundial, se detectaron 25 STs pertenecientes a S. Enteritidis en el GenBank, siendo el ST-11 el que presentó un mayor número de registros (Anexo 9). Se recuperaron un total de 26512 genomas de *S.* Enteritidis ST-11 depositadas por 78 países (Anexo 10). Los países con una mayor cantidad de genomas completos secuenciadas pertenecientes a este secuenciotipo corresponden al Reino Unido (n=11617), Estados Unidos (n=8512), Canadá (n=3585), Australia (n=500) y Brasil (n=342) (Figura 12).

La inferencia filogenética realizada con una selección de 786 genomas representativos de todos los países reveló que las cepas de *S.* Enteritidis ST-11 de origen peruano forman principalmente dos clados con orígenes diferentes. El clado mayor, denominado como A, está estrechamente relacionado a cepas recuperadas en Chile y Ecuador, y en menor medida a cepas provenientes de Estados Unidos y algunos países de Europa. En contraste, el clado menor, denominado como B, está estrechamente relacionado a cepas recuperadas en Canadá y Estados Unidos (Figura 13). El árbol filogenético fue cargado en la plataforma interactiva en línea Microreact, permitiendo la visualización dinámica de los resultados mediante el siguiente enlace: https://microreact.org/project/coDqUis1bWwwMwezmFio8z-enteritidisworld

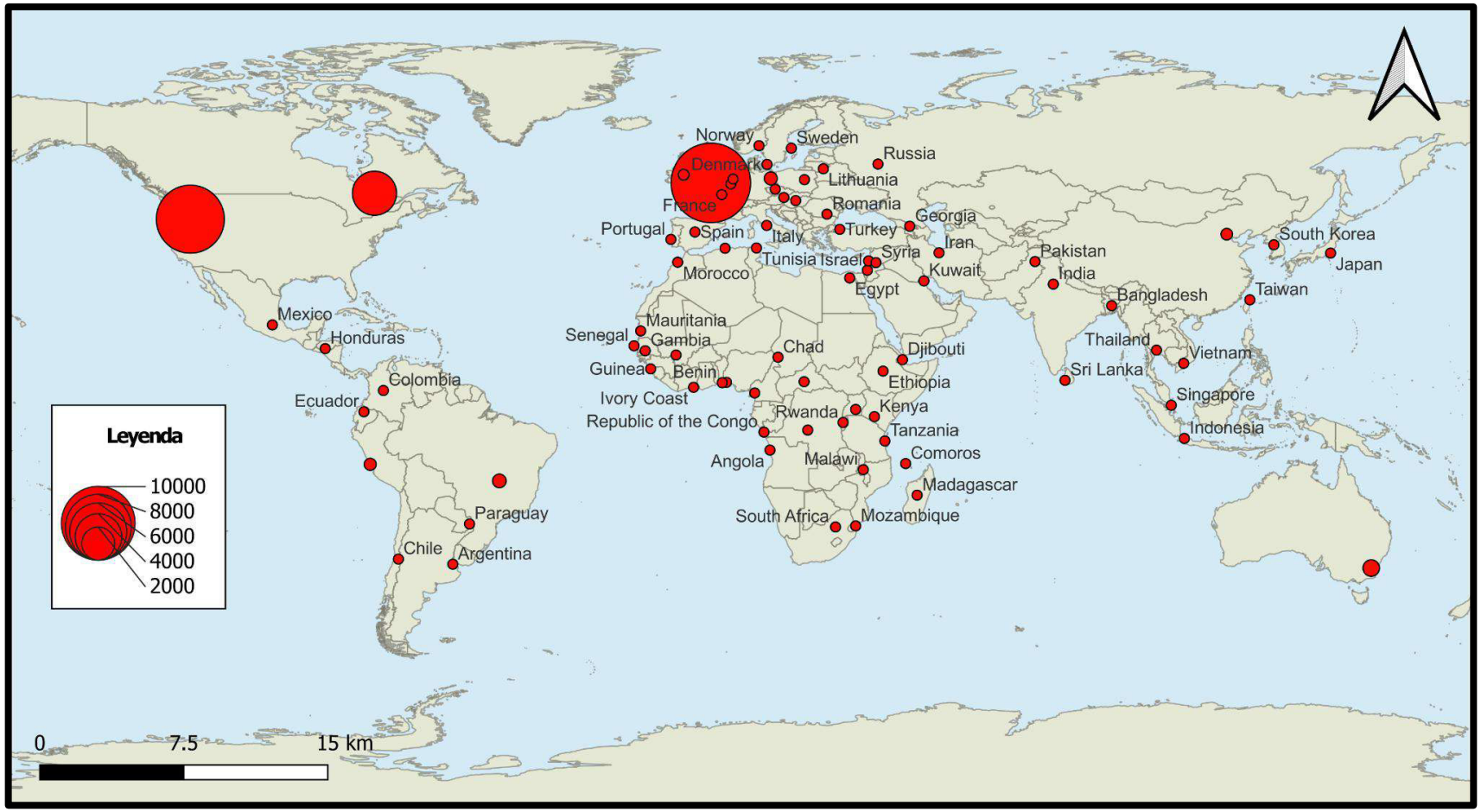


Figura 12. Genomas secuenciados de *S.* Enteritidis ST-11 a nivel mundial. Los círculos indican la cantidad de cepas secuenciadas por país según la leyenda.

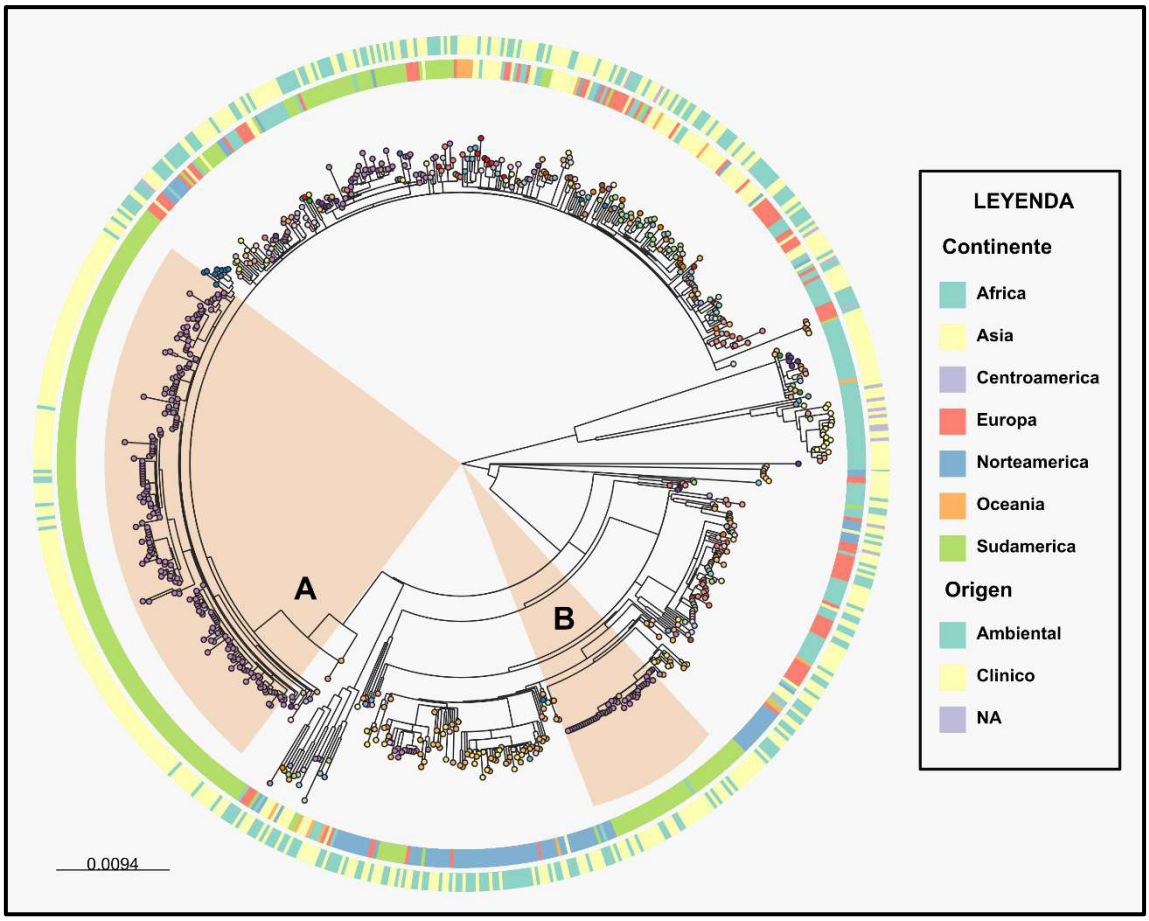


Figura 13. Árbol de máxima verosimilitud de 786 genomas de *S.* Enteritidis ST-11 aislados a nivel mundial, inferido utilizando 1000 réplicas de *bootstrap* bajo el modelo de sustitución GTR+I+G. Los clados de origen peruano se indican mediante sombreado de color naranja e indicados mediante las letras A y B. El circulo interno indican el continente de origen al cual pertenece cada cepa, mientras que el circulo externo indica la fuente de origen.

5.10. Filogenia de *S.* Typhimurium ST-19 bajo el contexto mundial

A nivel mundial, se detectaron 34 STs pertenecientes a *S*. Typhimurium en el GenBank, siendo el ST-19 el que presentó un mayor número de registros (Anexo 11). Se recuperaron un total de 13631 genomas de *S.* Typhimurium ST-19 depositadas por 53 países (Anexo 12). Los países con una mayor cantidad de genomas completos secuenciadas pertenecientes a este secuenciotipo corresponden a Estados Unidos (n=4490), Reino Unido (n=3797), Australia (n=3099), Canadá (n=1032) y Brasil (n=186) (Figura 14).

La inferencia filogenética realizada con una selección de 660 genomas representativos de todos los países reveló que las cepas de *S*. Typhimuirum ST-19 de origen peruano forman principalmente tres clados con orígenes diferentes. El clado mayor, denominado como A, está estrechamente relacionado a cepas recuperadas en Brasil, Colombia y Ecuador; el clado intermedio, denominado como B, está relacionado con cepas procedentes de diversos países, presentando una distribución cosmopolita, destacando su relación con cepas recuperadas en Estados Unidos; y el clado menor, denominado como C, está estrechamente relacionado a cepas recuperadas en Argentina y Chile (Figura 15). El árbol filogenético fue cargado en la plataforma interactiva en línea Microreact, permitiendo la visualización dinámica de los resultados mediante el siguiente enlace: https://microreact.org/project/f5DkNGfqanBvfuv6p5J4kZ-typhimuriumworld

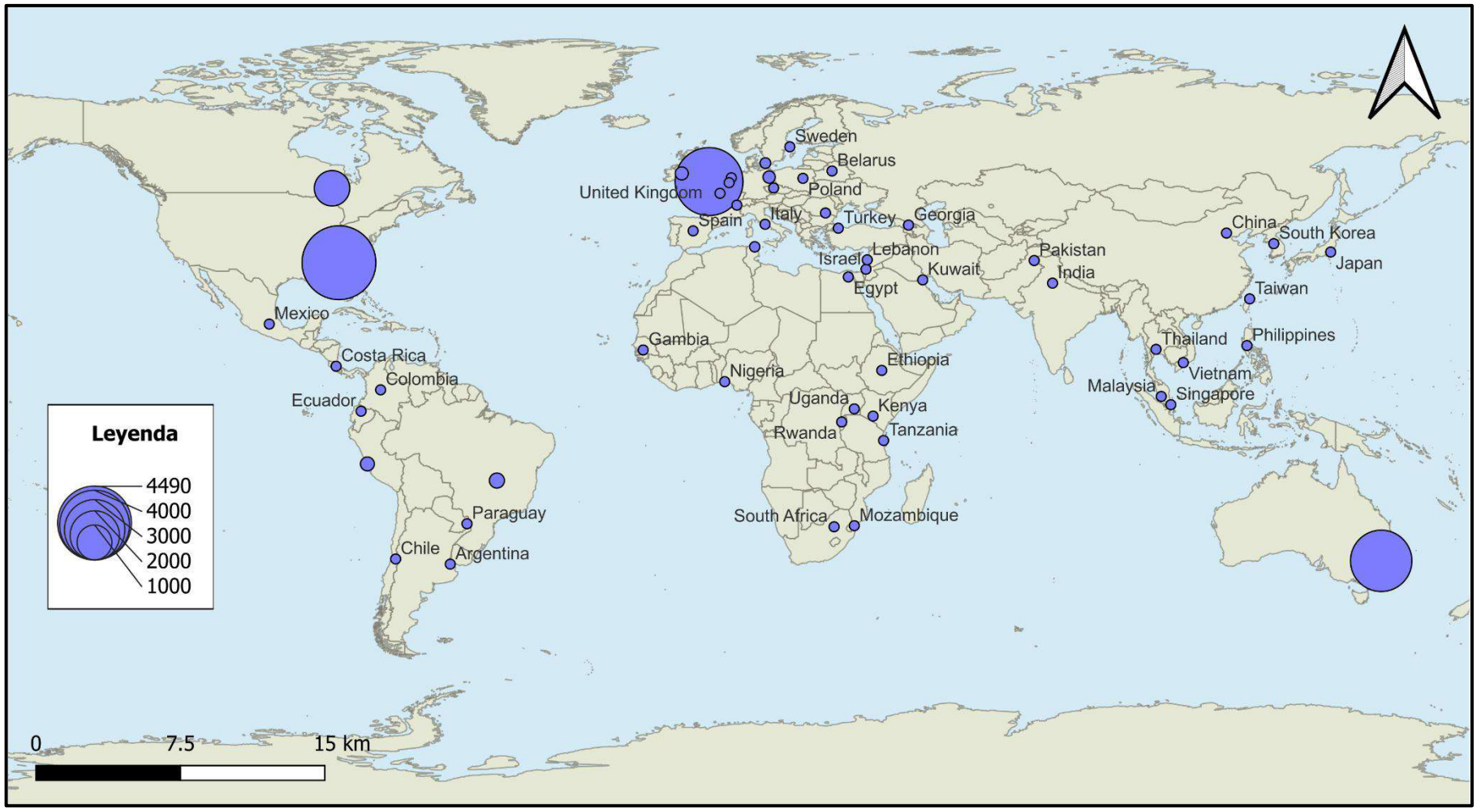


Figura 14. Genomas secuenciados de *S.* Typhimurium ST-19 a nivel mundial. Los círculos indican la cantidad de cepas secuenciadas por país según la leyenda.

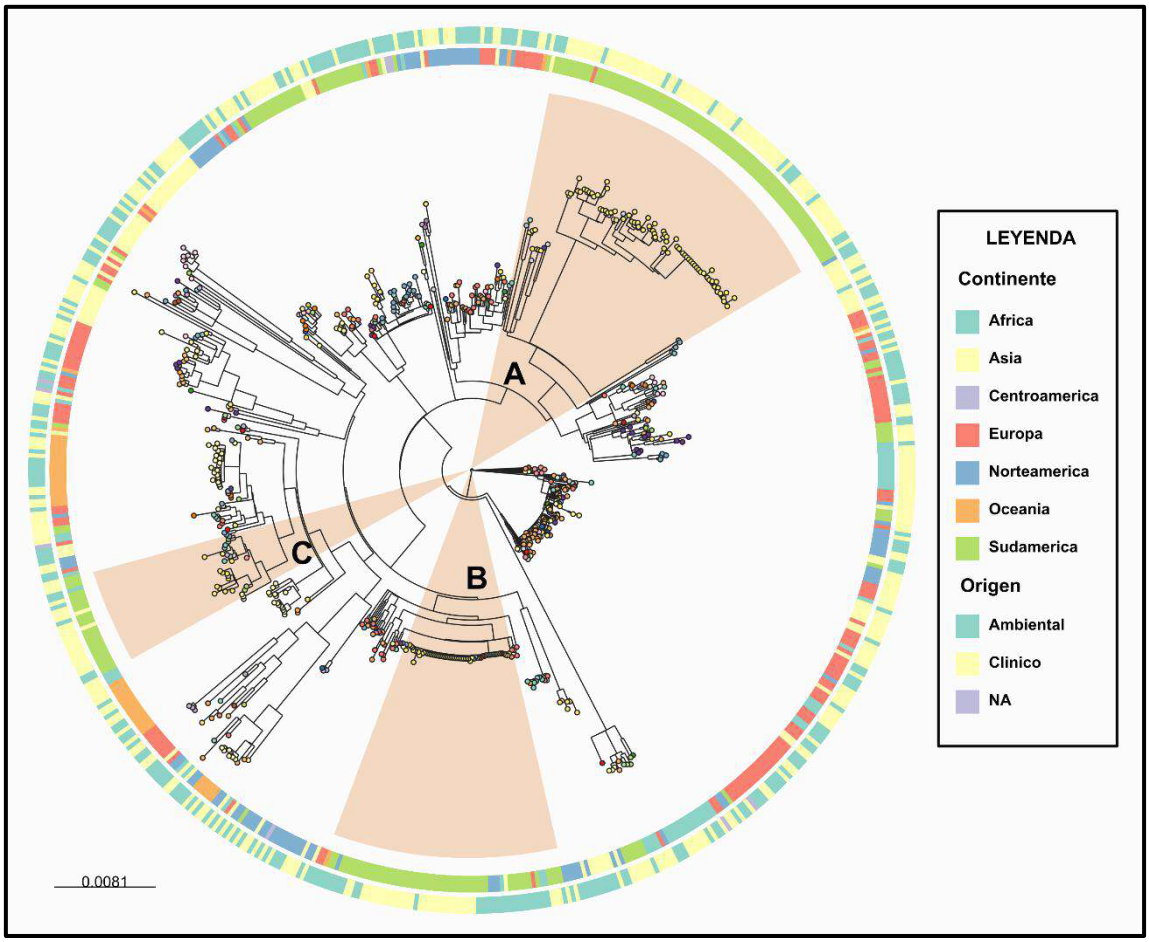


Figura 15. Árbol de máxima verosimilitud de 660 genomas de *S.* Typhimurium ST-19 aislados a nivel mundial, inferido utilizando 1000 réplicas de *bootstrap* bajo el modelo de sustitución GTR+I+G. Los clados de origen peruano se indican mediante sombreado de color naranja e indicados mediante las letras A, B y C. El circulo interno indican el continente de origen al cual pertenece cada cepa, mientras que el circulo externo indica la fuente de origen.

5.11. Filogenia de *S.* Infantis ST-32 bajo el contexto mundial

A nivel mundial, se detectaron 30 STs pertenecientes a *S.* Infantis en el GenBank, siendo el ST-32 el que presentó un mayor número de registros (Anexo 13). Se recuperaron un total de 5831 genomas de *S.* Infantis ST-32 depositadas por 48 países (Anexo 14). Los países con una mayor cantidad de genomas completos secuenciadas pertenecientes a este secuenciotipo corresponden a Estados Unidos (n=2939), Reino Unido (n=1228) y Canadá (n=465), ubicando a Perú posterior a estos países (n=418), y por encima de Sudáfrica (n=248) y Alemania (n=141) (Figura 16). La inferencia filogenética realizada con una selección de 647 genomas representativos de todos los países reveló que las cepas de *S.* Infantis ST-32 de origen peruano forman un único clado, estrechamente relacionado principalmente con cepas recuperadas de otros países de Sudamérica como Bolivia, Chile, Ecuador y Venezuela, pero también con algunas cepas recuperadas en países de Norteamérica como Canadá y Estados Unidos (Figura 17). El árbol filogenético fue cargado en la plataforma interactiva en línea Microreact, permitiendo la visualización dinámica de los resultados mediante el siguiente enlace: https://microreact.org/project/xsiASxXS9twGPw8qBiSNGg-sinfantisst32contextomundo

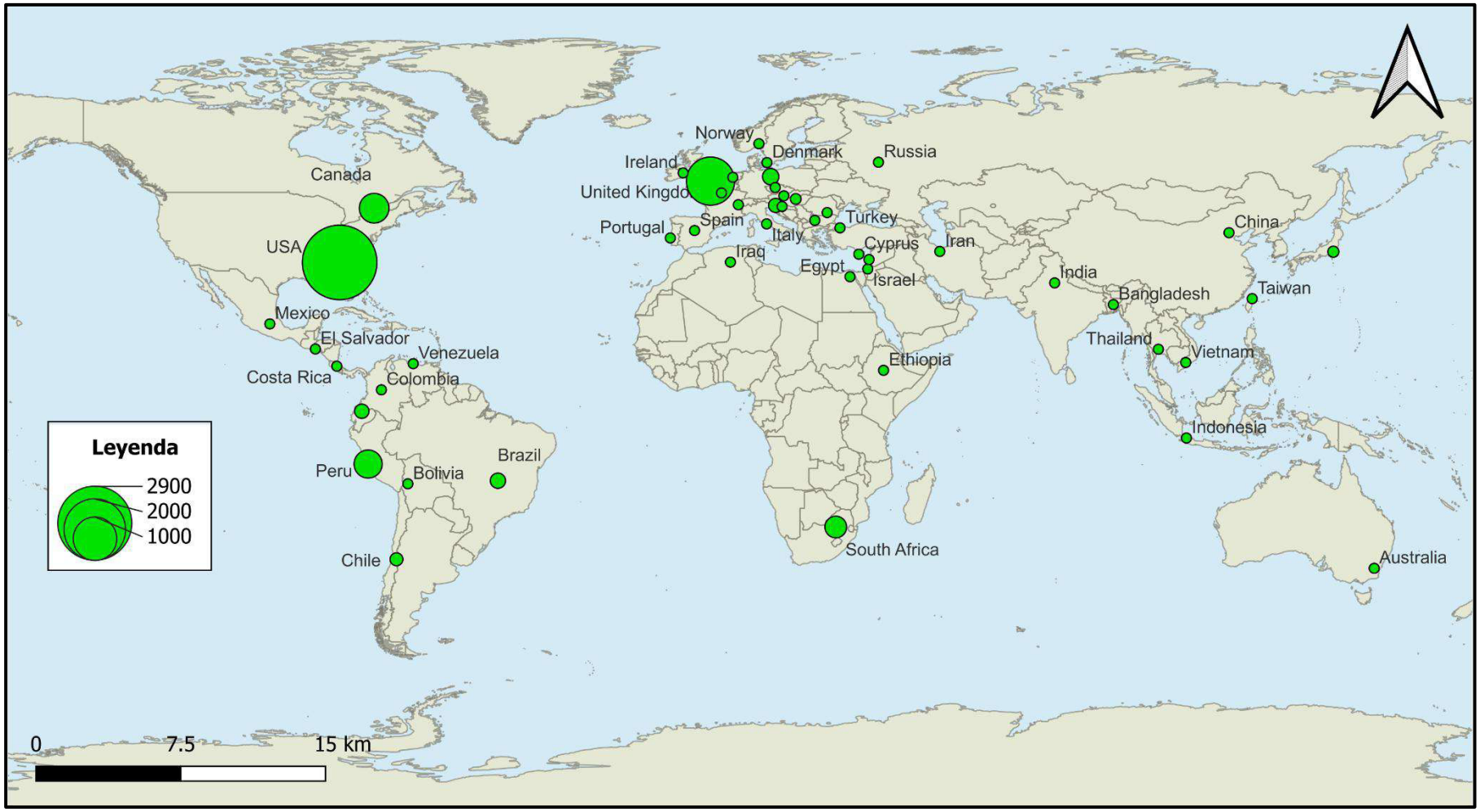


Figura 16. Genomas secuenciados de *S.* Infantis ST-32 a nivel mundial. Los círculos indican la cantidad de cepas secuenciadas por país según la leyenda.

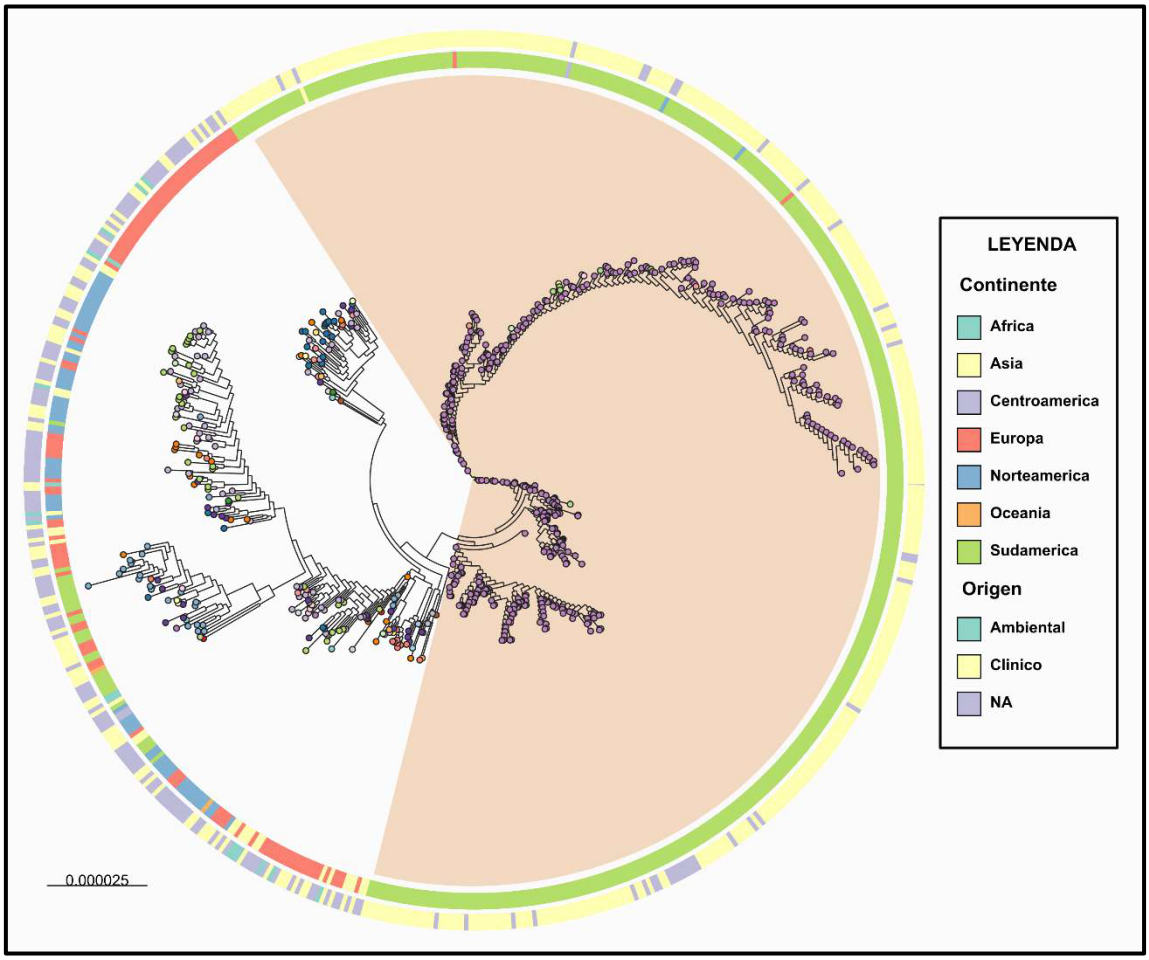


Figura 17. Árbol de máxima verosimilitud de 647 genomas de *S.* Infantis ST-32 aislados a nivel mundial, inferido utilizando 1000 réplicas de bootstrap bajo el modelo de sustitución GTR+I+G. El clado de origen peruano se indican mediante sombreado de color naranja. El circulo interno indican el continente de origen al cual pertenece cada cepa, mientras que el circulo externo indica la fuente de origen.

5.12. Filogenia de *S.* Newport ST-31 bajo el contexto mundial

A nivel mundial, se detectaron 79 STs pertenecientes a *S.* Newport en el GenBank, siendo el ST-118 el que presentó un mayor número de registros, mientras que el ST-31 ocupa la cuarta posición en cuanto a frecuencia (Anexo 15). Se recuperaron un total de 526 genomas de *S.* Newport ST-31 depositadas por 19 países (Anexo 16). Los países con una mayor cantidad de genomas completos secuenciadas pertenecientes a este secuenciotipo corresponde a Reino Unido (n=358), ubicando a Perú posterior a este país (n=76), y por encima de Estados Unidos (n=55), Canadá (n=23) e India (n=22) (Figura 18). La inferencia filogenética realizada con una selección de 143 genomas representativos de todos los países reveló que las cepas de *S.* Newport ST-31 de origen peruano forman un único clado, estrechamente relacionado con cepas recuperadas de Argentina, Canadá y Estados Unidos (Figura 19). El árbol filogenético fue cargado en la plataforma interactiva en línea Microreact, permitiendo la visualización dinámica de los resultados mediante el siguiente enlace: https://microreact.org/project/bfDzCxaYYrXwpwzJvntbn7-snewportst31contextomundo

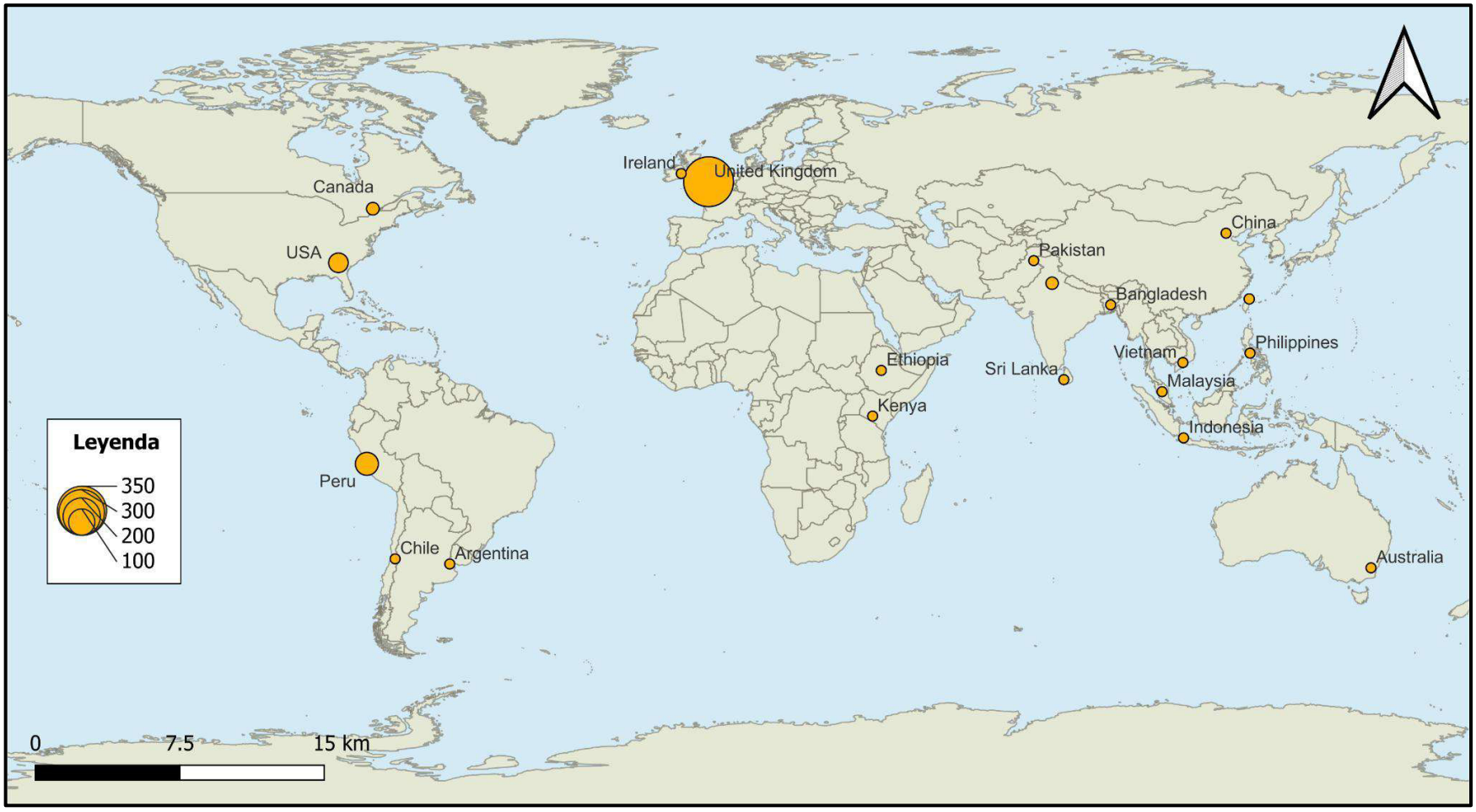


Figura 18. Genomas secuenciados de *S.* Newport ST-31 a nivel mundial. Los círculos indican la cantidad de cepas secuenciadas por país según la leyenda.

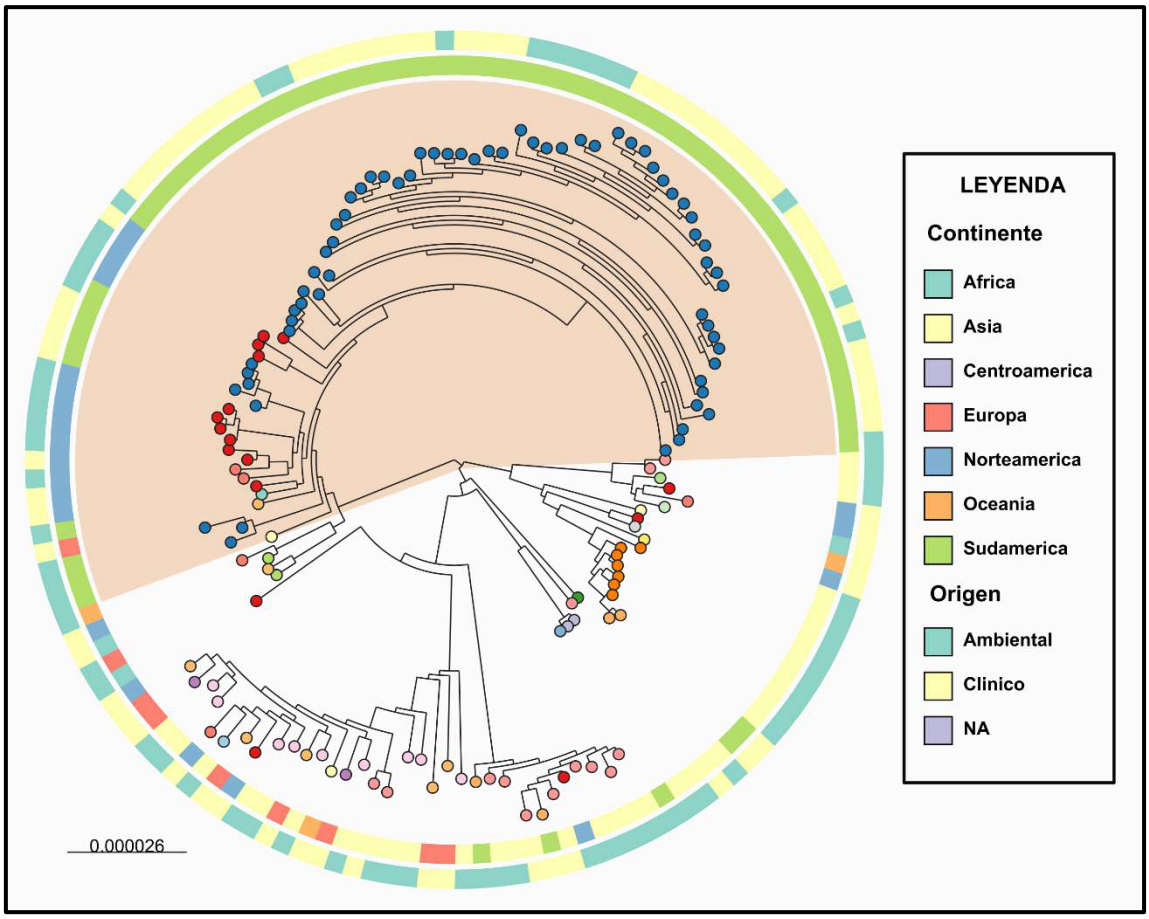


Figura 19. Árbol de máxima verosimilitud de 143 genomas de *S.* Newport ST-31 aislados a nivel mundial, inferido utilizando 1000 réplicas de *bootstrap* bajo el modelo de sustitución GTR+I+G. El clado de origen peruano se indican mediante sombreado de color naranja. El circulo interno indican el continente de origen al cual pertenece cada cepa, mientras que el circulo externo indica la fuente de origen.

5.13. Filogenia de *S.* Mbandaka ST-413 bajo el contexto mundial

A nivel mundial, se detectaron 12 STs pertenecientes a *S.* Mbandaka en el GenBank, siendo el ST-413 el que presentó un mayor número de registros (Anexo 17). Se recuperaron un total de 1342 genomas de *S.* Mbandaka ST-413 depositadas por 28 países (Anexo 18). Los países con una mayor cantidad de genomas completos secuenciadas pertenecientes a este secuenciotipo corresponde a Estados Unidos (n=838), seguido de Reino Unido (n=213), Alemania (n=59), Mexico (n=57), y ubicando a Perú en la quinta posición (n=53) (Figura 20). La inferencia filogenética realizada con una selección de 160 genomas representativos de todos los países reveló que las cepas de *S.* Mbandaka ST-413 de origen peruano forman un único clado, estrechamente relacionado con cepas recuperadas de Alemania, China, Chile y Paraguay (Figura 21). El árbol filogenético fue cargado en la plataforma interactiva en línea Microreact, permitiendo la visualización dinámica de los resultados mediante el siguiente enlace: https://microreact.org/project/xuB3bYqLwWowEoNi86wrpz-smbandakast413contextomundo

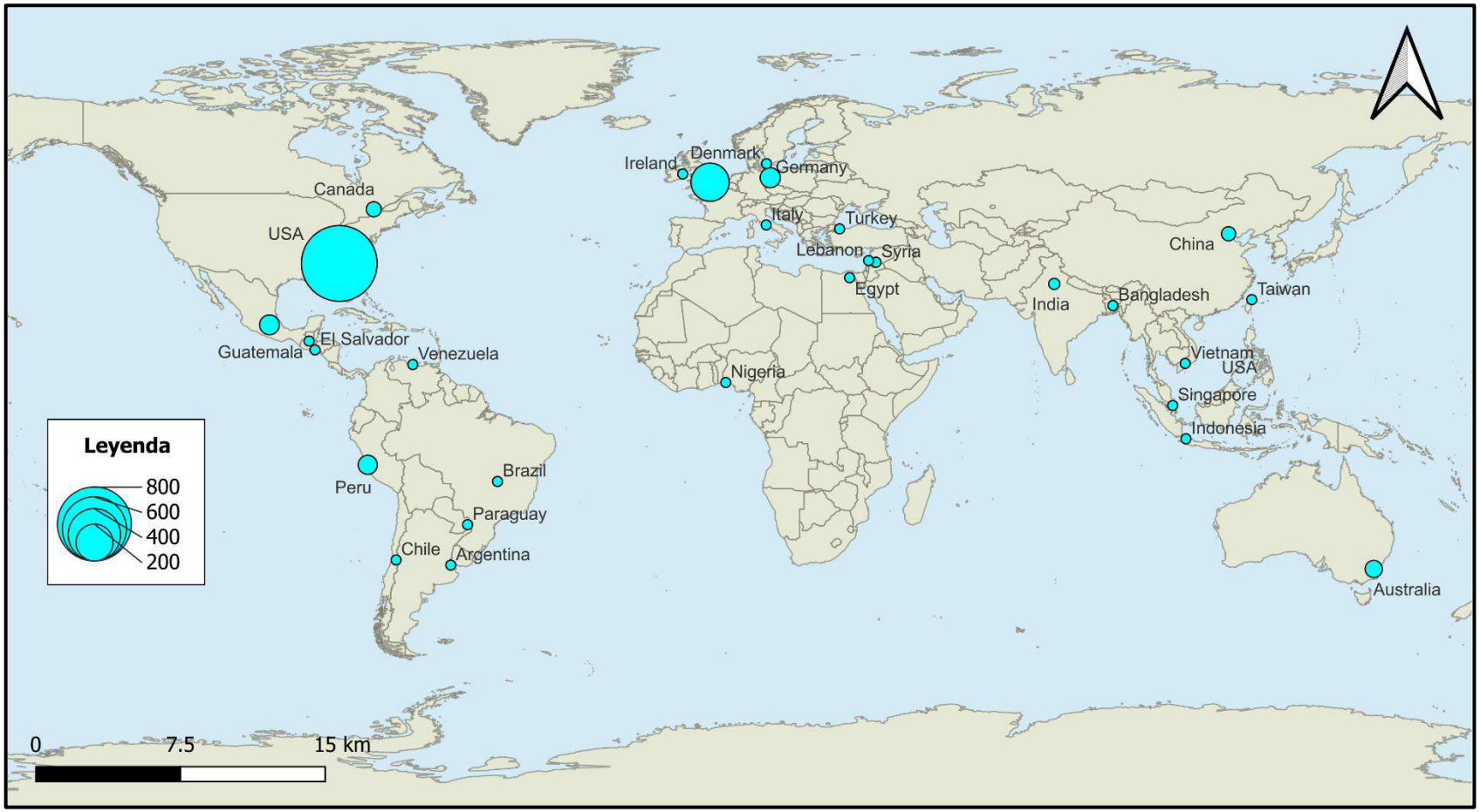


Figura 20. Genomas secuenciados de *S.* Mbandaka ST-413 a nivel mundial. Los círculos indican la cantidad de cepas secuenciadas por país según la leyenda.

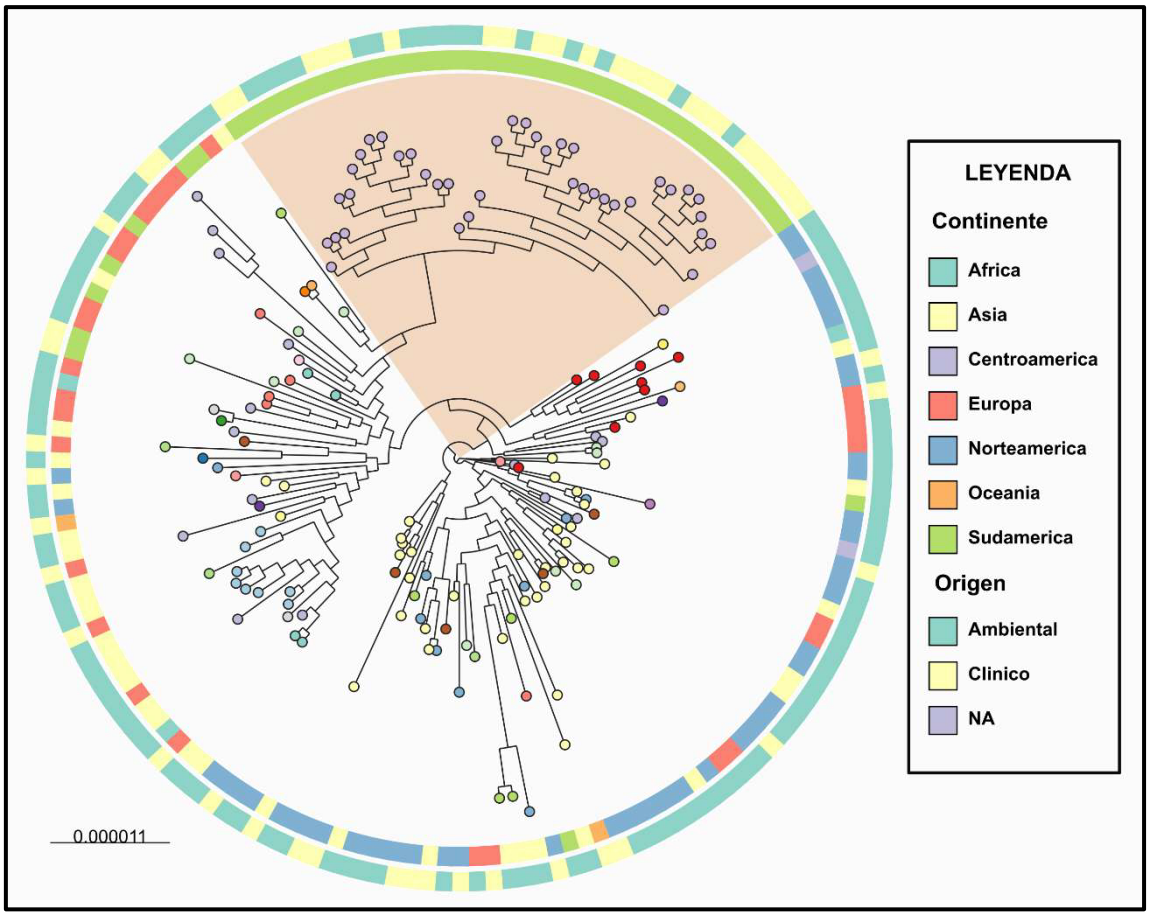


Figura 21. Árbol de máxima verosimilitud de 160 genomas de *S.* Newport ST-31 aislados a nivel mundial, inferido utilizando 1000 réplicas de bootstrap bajo el modelo de sustitución GTR+I+G. El clado de origen peruano se indican mediante sombreado de color naranja. El circulo interno indican el continente de origen al cual pertenece cada cepa, mientras que el circulo externo indica la fuente de origen.

5.14. Islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI) detectadas en *Salmonella* circulantes en Perú

En general, se detectaron 13 de 14 SPI buscadas (Tabla 1) mediante BLASTN en por lo menos una cepa de *Salmonella enterica* no tifoidea aisladas en Perú. Las cepas peruanas pertenecientes a un mismo secuenciotipo presentaron el mismo patrón en función a las SPI (Figura 22). Las SPI más frecuentes fueron las SPI-1, SPI-2, SPI-3 y SPI-9 detectadas en 42 secuenciotipos, seguidos de la SPI-5 detectada en 41 secuenciotipos, la SPI-4 detectadas en 29 secuenciotipos, la SPI-13 detectadas en 25 secuenciotipos, la SPI-14 detectada en 24 secuenciotipos y la SPI-8 detectadas en 10 secuenciotipos. Las SPI menos frecuentes fueron la SPI-10 detectada en 5, SPI-6, SPI-11 y SPI-12, todas detectadas en un solo secuenciotipo. La SPI-7 no fue detectada en ninguno de los secuenciotipos evaluados (Anexo 19).

En relación a la cantidad de SPI detectadas por secuenciotipo, el ST-68 (*S.* Choleraesuis) reportó la mayor presencia de SPI (n=10), seguido de los ST-10 (*S.* Dublin) y ST-11 (*S.* Enteritidis) con 9 SPI. Un total de 18 secuenciotipos presentaron 8 SPI, 11 secuenciotipos presentaron 7 SPI, 7 secuenciotipos presentaron 6 SPI, 2 secuenciotipos presentaron 5 SPI y solo un secuenciotipo presento 4 SPI.

A nivel general, el 100% de las cepas (n=1122) presentaron las SPI-1, SPI-2, SPI3 y SPI-9, el 99.9% (n=1121) presentó la SPI-5, el 89.3% (n=1002) presentó la SPI-4, el 89.2% (n=1001) presentó la SPI-14, el 88.9% (n=998) presentó la SPI-13, el 31.9% (n=358) presentó la SPI-10, y el 5.1% (n=57) presentó la SPI-8. Menos del 1% presentaron las islas SPI-6 (n=5), SPI-11 (n=2) y SPI-12 (n=2). Los secuenciotipos más frecuentes ST-32 (*S.* Infantis), ST-11 (*S.* Enteritidis), ST-19 (*S.* Typhimurium) y ST-31 (*S.* Newport) comparten siete islas: SPI-1, SPI-2, SPI-3, SPI-5, SPI-9, SPI-13 y SPI-14, las cuales fueron visualizadas mediante mapeo genómico frente a genomas cerrados representativos de cada secuenciotipo (Figura 23). Mediante esta estrategia, se pudo corroborar que las SPI corresponden a regiones con un porcentaje de GC diferente al promedio de *Salmonella enterica*, además de encontrarse completas; sin embargo, su localización dentro de cada secuenciotipo tiende a ser diferente.

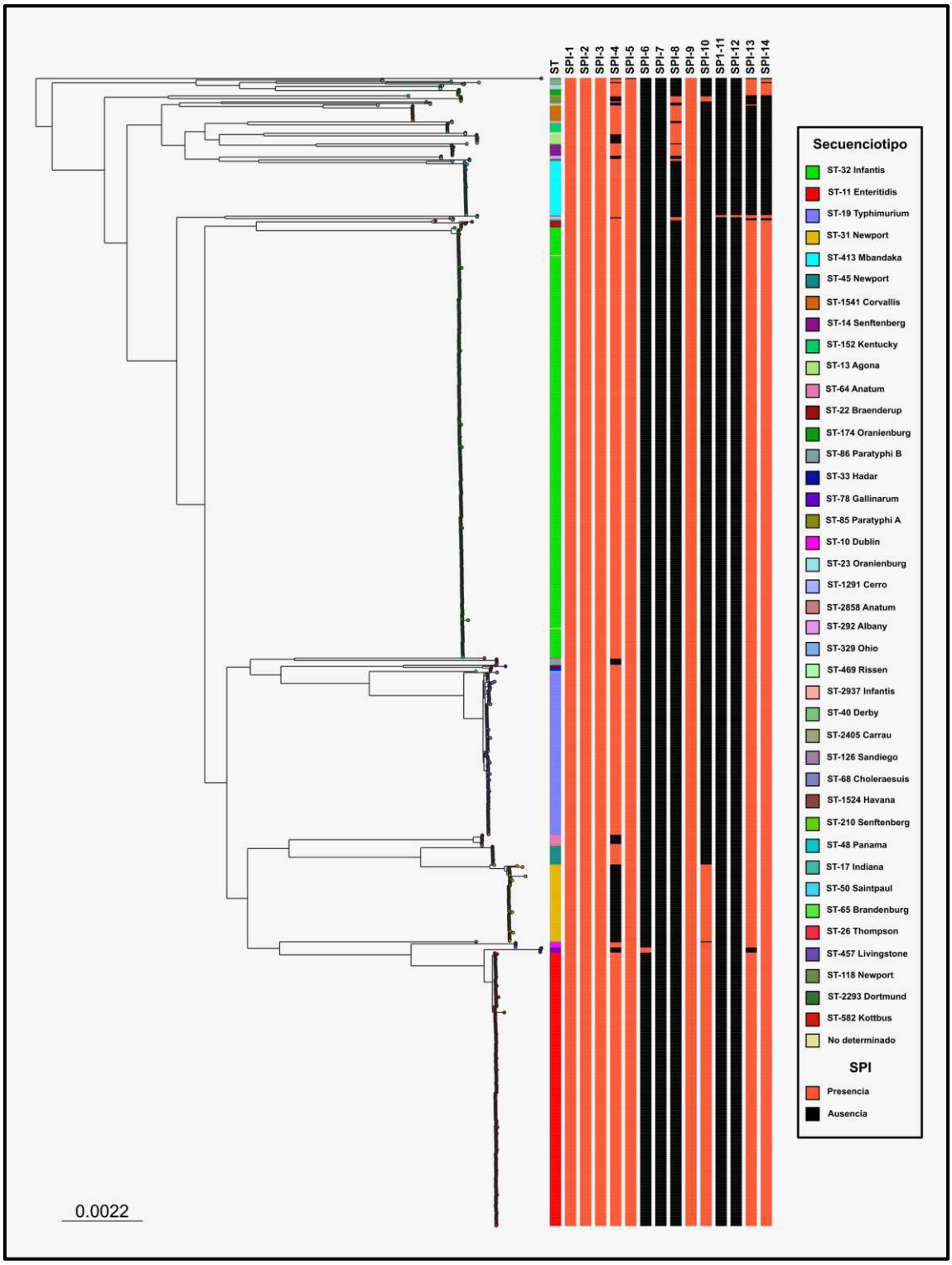


Figura 22. Árbol de máxima verosimilitud de 1122 cepas de *S. enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con las islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI). La primera columna indica el secuenciotipo al cual pertenece cada cepa, mientras que las 14 columnas restantes indican la presencia o ausencia de las SPI.

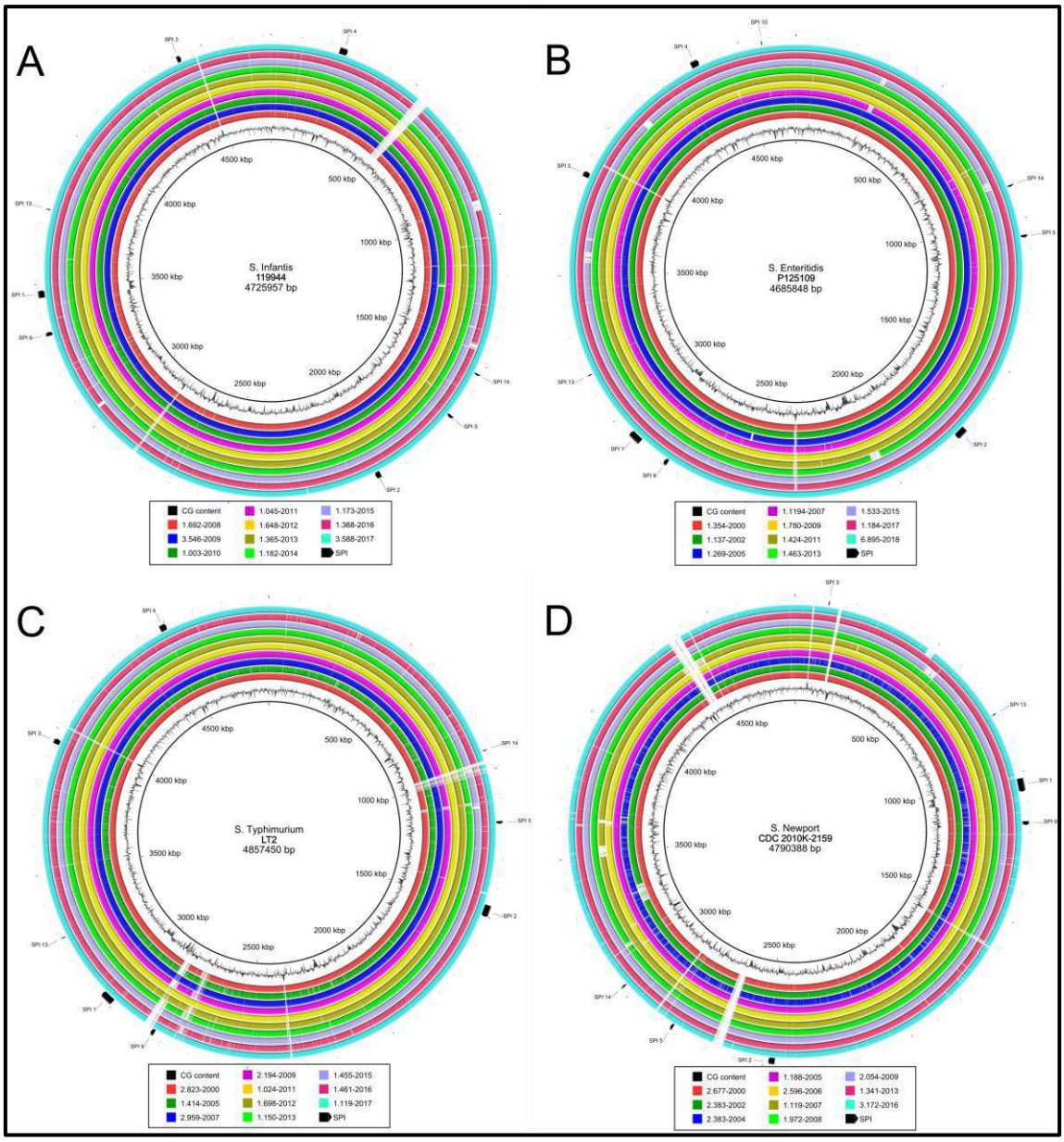


Figura 23. Localización de islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI) en los secuenciotipos más frecuentes de Perú. A. ST-31 mapeado frente a *S.* Infantis 11994. B. ST-11 mapeado frente a *S.* Enteritidis P125109. C. ST-19 mapeado frente a *S.* Typhimurium LT2. D. ST-31 mapeado frente a *S.* Newport CDC 2010K-2159.

5.15. Factores de virulencia de *Salmonella enterica* detectadas en *Salmonella* circulante en Perú

La región completa de los genes que codifican a los sistemas de secreción tipo 3 (T3SS) pertenecientes a las SPI-1 (Figura 24) y SPI-2 (Figura 25) fueron detectadas sin diferencias en todos los secuenciotipos evaluados. En contraste, los genes que codifican al sistema de secreción tipo 6 (T6SS) fueron detectados en la mayor parte de los secuenciotipos (Figura 26), siendo una de las excepciones más importante la ausencia de esta región dentro del genoma del ST-11 (*S.* Enteritidis), además del ST-13 (*S.* Agona).

En cuanto a los factores de virulencia implicados en la adherencia, resalta la presencia exclusiva de los genes de las fimbrias codificadas por plásmido *pefABCD* dentro de los secuenciotipos ST-11 (*S.* Enteritidis) y ST-19 (*S.* Typhimurium), así como la ausencia de los genes de las fimbrias polares largas *lpfABCDE* dentro de los ST-64 (*S.* Anatum), ST-1541 (*S.* Corvallis) y otros secuenciotipos con menor número de representantes. Además, el gen de la adhesina autotransportadora de unión a fibronectina *shdA* parece ser más frecuente dentro del secuenciotipo ST-32 (*S.* Infantis) que lo observado en otros secuenciotipos, así como la ausencia total del gen de la proteína de membrana externa *ratB* dentro del secuenciotipo ST-413 (*S.* Mbandaka) y otros secuenciotipos con menor número de representantes (Figura 27, Anexo 20).

Con respecto a otros factores de virulencia relevante, los genes relacionados a la captación del magnesio *mgtBC*, el gen inducible por macrófago *mig-14*, y los genes reguladores *fur, phoPQS* y *pmrAB* fueron detectados en todos los secuenciotipos evaluados. En contraste, el gen de la exotoxina *spvB,* el gen del superóxido dismutasa *sodCI*, y el gen inducible por macrófago *mig-5* fueron detectados únicamente en los secuenciotipos ST-10 (*S.* Dublin) ST-11 (*S.* Enteritidis), ST-19 (*S.* Typhimurium) y ST-31 (*S.* Newport) y ST-78 (*S.* Gallinarum), mientras que el gen de la resistencia a la lisis mediada por el complemento *rck* fueron exclusivos de los ST-11 (S. Enteritidis) y ST-19 (S. Typhimurium) (Figura 28, Anexo 21).

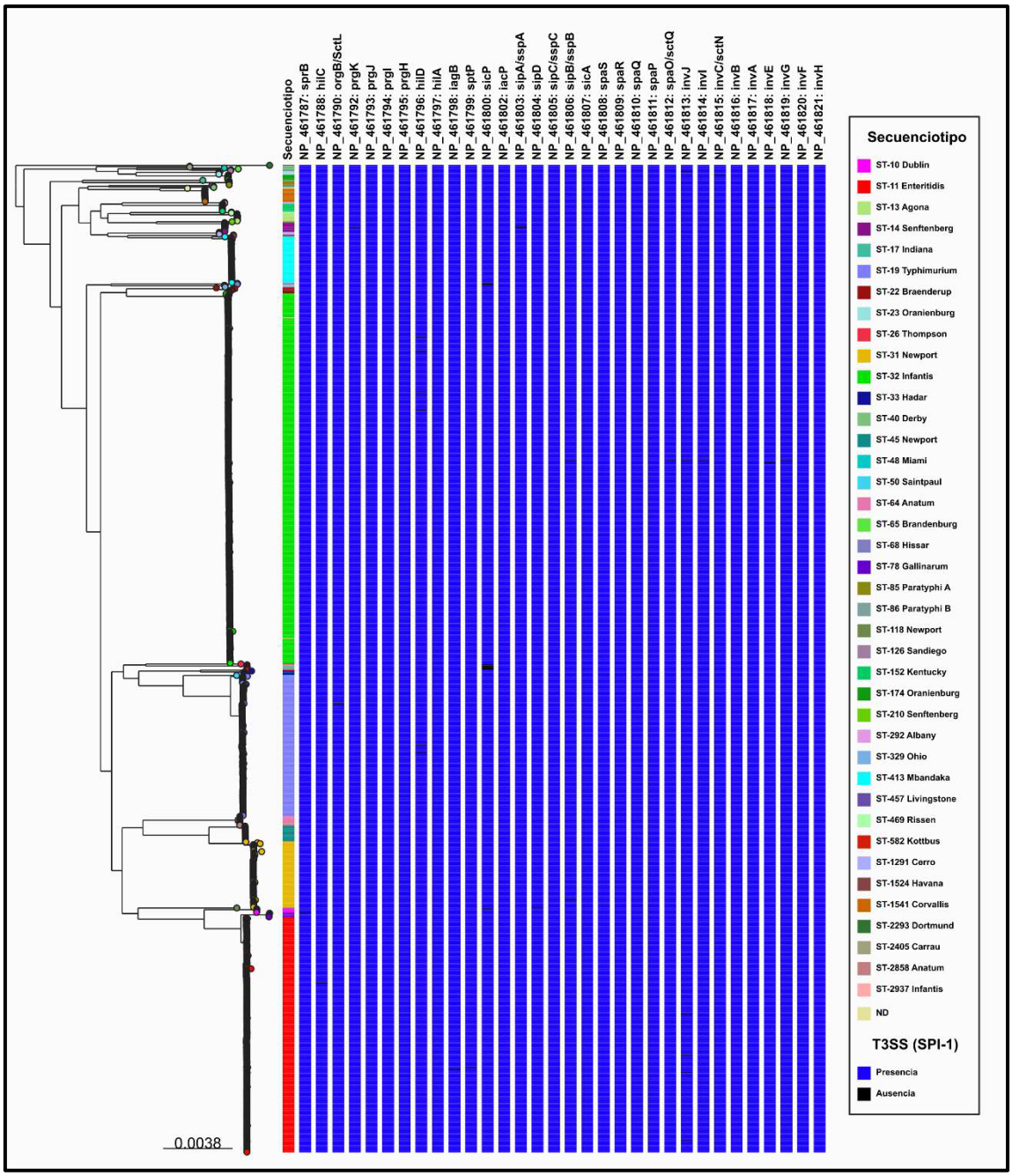


Figura 24. Árbol de máxima verosimilitud de *S. enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con los genes del sistema de secreción tipo 3 (T3SS) codificado por la SPI-1. La primera columna indica el secuenciotipo al cual pertenece cada cepa, mientras que las 32 columnas restantes indican la presencia o ausencia de los genes de la T3SS.

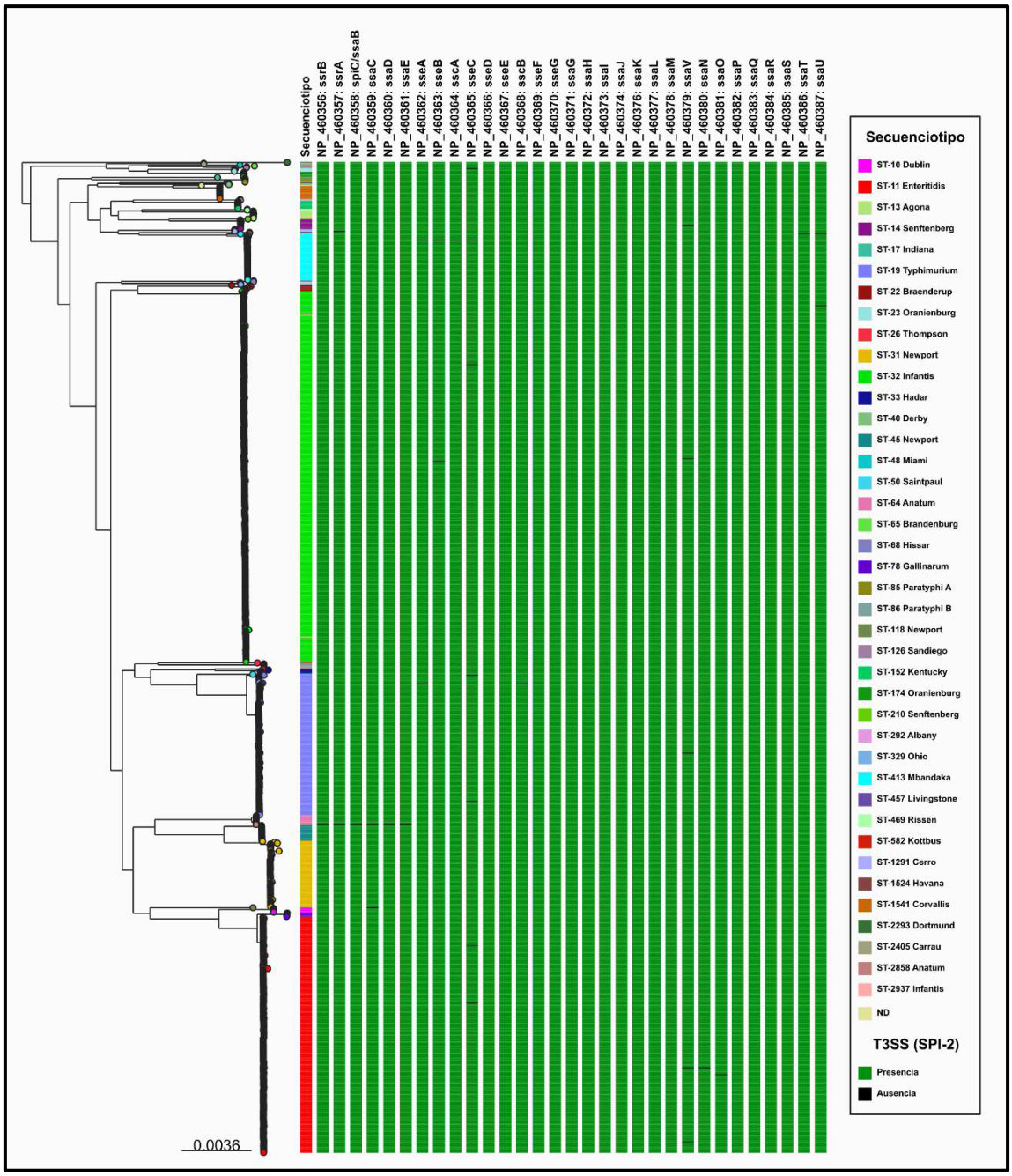


Figura 25. Árbol de máxima verosimilitud de *S. enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con los genes del sistema de secreción tipo 3 (T3SS) codificado por la SPI-2. La primera columna indica el secuenciotipo al cual pertenece cada cepa, mientras que las 31 columnas restantes indican la presencia o ausencia de los genes de la T3SS.

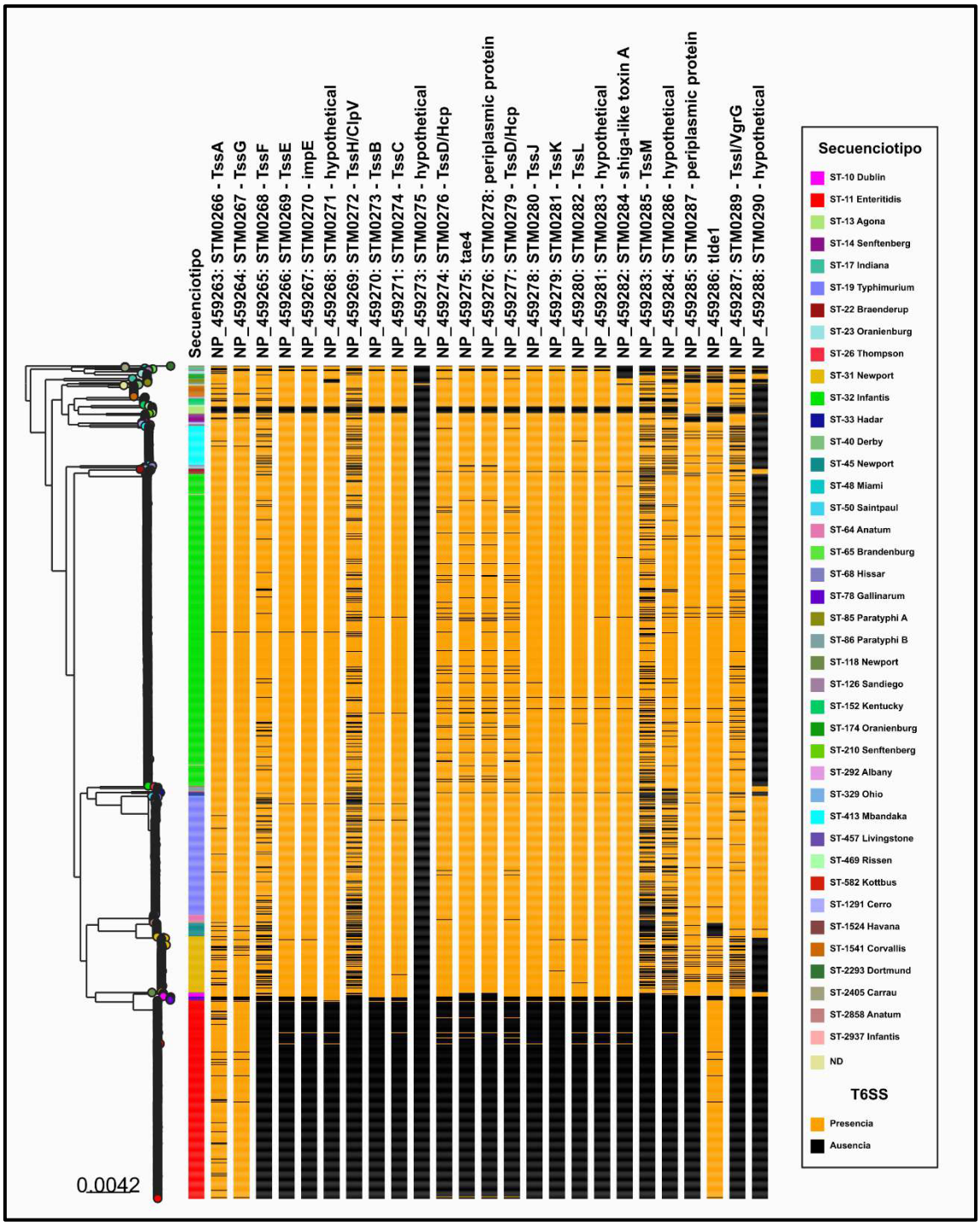


Figura 26. Árbol de máxima verosimilitud de *S. enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con los genes del sistema de secreción tipo 6 (T6SS). La primera columna indica el secuenciotipo al cual pertenece cada cepa, mientras que las 25 columnas restantes indican la presencia o ausencia de los genes de la T6SS.

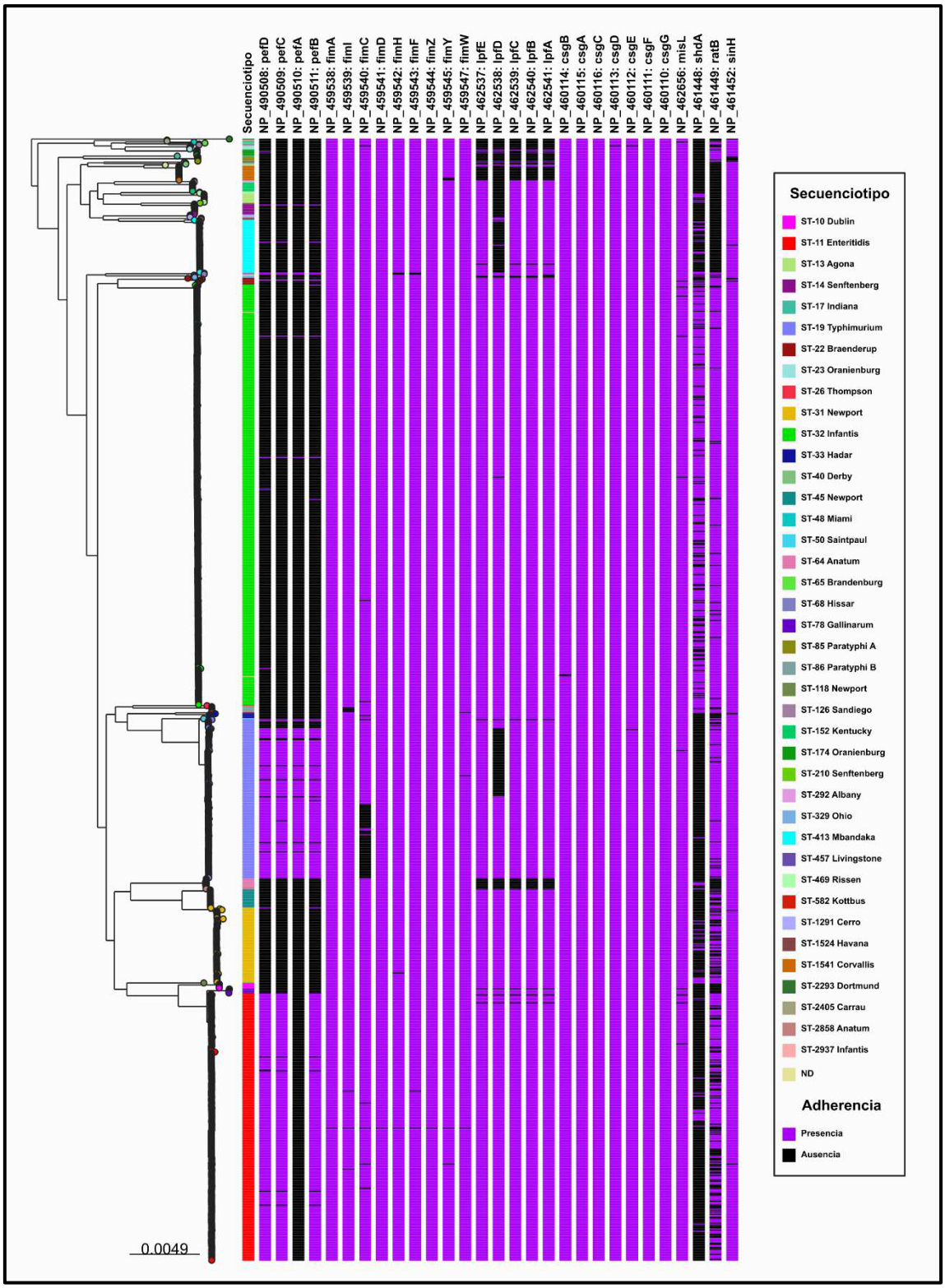


Figura 27. Árbol de máxima verosimilitud de *S. enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con los genes implicados a la adherencia bacteriana. La primera columna indica el secuenciotipo al cual pertenece cada cepa, mientras que las 29 columnas restantes indican la presencia o ausencia de los genes implicados en la adherencia.

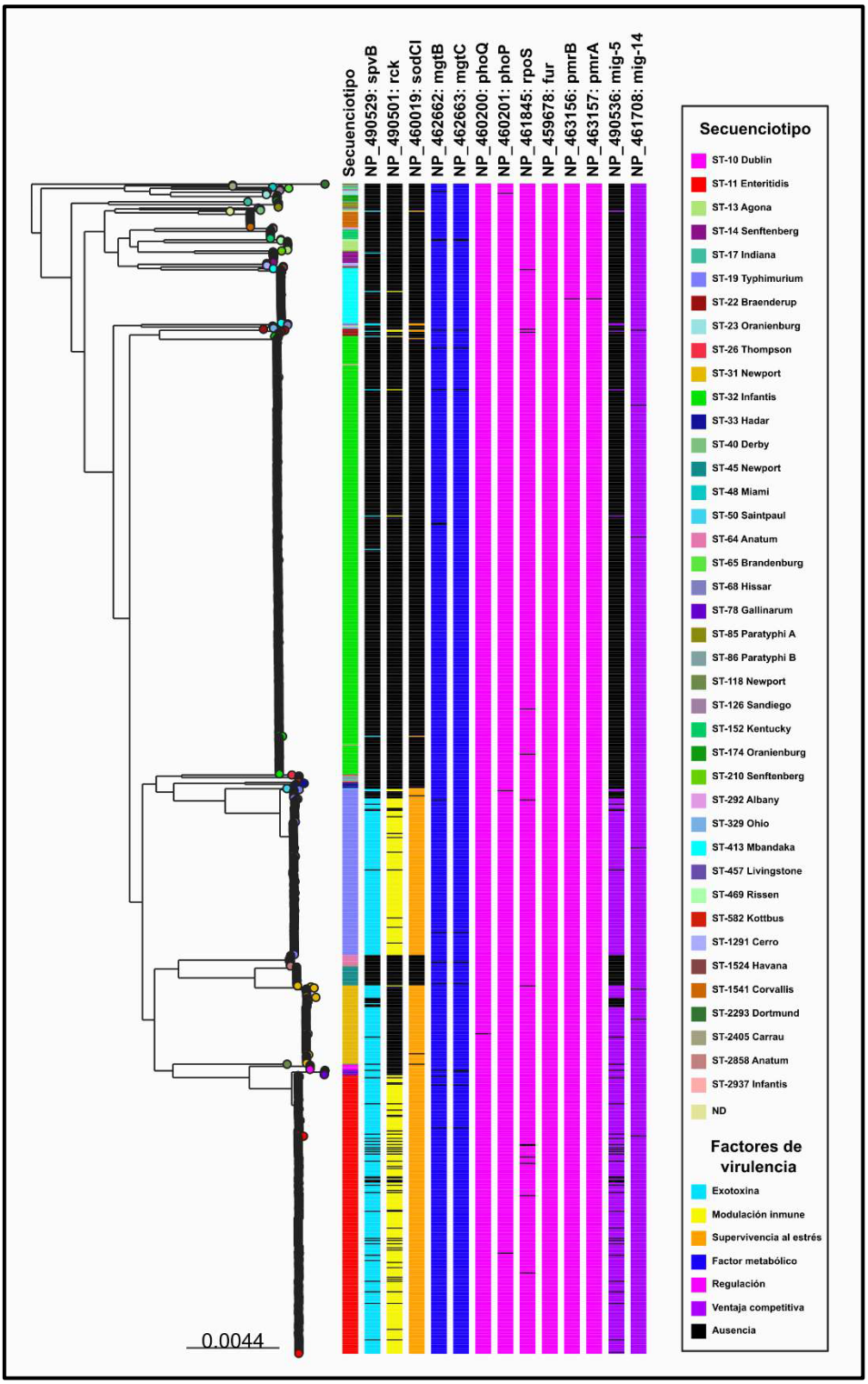


Figura 28. Árbol de máxima verosimilitud de *S. enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con otros genes implicados en la virulencia bacteriana. La primera columna indica el secuenciotipo al cual pertenece cada cepa, mientras que las 13 columnas restantes indican la presencia o ausencia de los genes implicados en la virulencia de *S. enterica*.

5.16. Plásmidos de *Salmonella enterica* detectadas en cepas peruanas

De los 1122 genomas analizados, el 86.8% (n=974) presentó al menos un plásmido. El 45.6% (n=512) presentó un único plásmido, el 30% (n=337) dos plásmidos, el 10.2% (n=114) tres plásmidos, el 0.6% (n=7) cuatro plásmidos, el 0.3% (n=3) cinco plásmidos y solo una cepa presentó 6 plásmidos.

Se detectaron 29 tipos de plásmidos: 23 tipo Inc, 4 tipo Col y 2 tipo Rep (Anexos 22 y 23). La distribución de la mayoría de los plásmidos no parece seguir una distribución asociada con los secuenciotipos, a excepción de los plásmidos de incompatibilidad IncFIB(S) asociado al ST-11 (S. Enteritidis, n=261) y ST-19 (S. Typhimurium, n=145), IncFII (S) asociado al ST-11 (S. Enteritidis, n=236), ST-19 (S. Typhimurium, n=147) y ST-31 (S. Newport, n=65), y el RepB del megaplásmido pESI asociado al ST-32 (S. Infantis, n=415) (Figura 29).

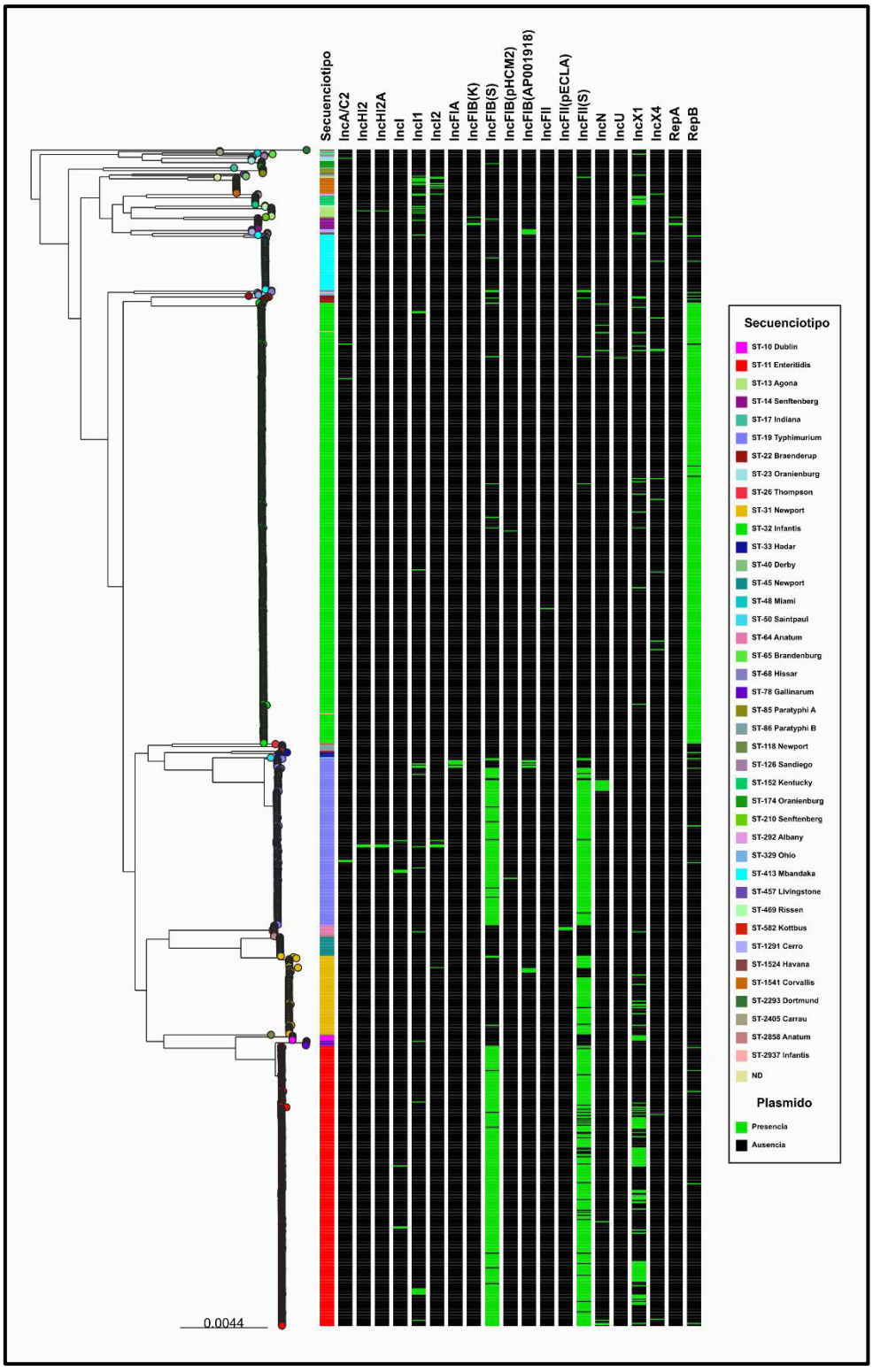


Figura 29. Árbol de máxima verosimilitud de *S. enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con plásmidos. La primera columna indica el secuenciotipo al cual pertenece cada cepa, mientras que las columnas restantes indican la presencia o ausencia de los diferentes plásmidos incluidos en la base de datos. La figura solo indica los plásmidos que están presentes en más de una cepa.

5.17. Susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella enterica* no tifoidea en cepas peruanas

Los reportes de susceptibilidad antimicrobiana de las cepas secuenciadas fueron insuficientes para generar un análisis fenotípico de todo el periodo que comprende el estudio, por lo que se optó por utilizar la data histórica disponible de las cepas analizadas en el INS entre el periodo 2009-2018, la cual poseía una buena representatividad y confiabilidad de resultados.

Los datos de los cuatro secuenciotipos más frecuentes en Perú fueron graficados empleando un mapa de calor (Figura 30). Se observa que la resistencia antimicrobiana va en aumento para los ST-32 (S. Infantis), ST-19 (S. Typhimurium) y ST-11 (S. Enteritidis), mientras que en el ST-31 (S. Newport) no se observa un cambio importante.

Para el caso del ST-32 (S. Infantis), la resistencia a trimetoprim-sulfametoxazol (SXT), ácido nalidíxico (NA), ciprofloxacina (CIP), tetraciclina (TE) y nitrofurantoína (N) se ha reportado desde los primeros años de su circulación en Perú, manteniéndose sostenidamente a través del tiempo evaluado y alcanzando tasas de resistencia del 100%. En contraste, la resistencia a la ampicilina (AMP), cefotaxima (CTX) y cloranfenicol (C) aparece abruptamente entre los años 2011-2012, y desde entonces han incrementado sus tasas de resistencia hasta alcanzar el 100%, mientras que la resistencia a la ceftazidima (CAZ) se reporta desde el 2017, alcanzando una tasa de resistencia superior al 50%.

Con respecto al ST-11 (*S.* Enteritidis), el patrón de resistencia más claro se observa para la nitrofurantoína (N), mientras que para el ST-19 (*S.* Typhimurium) se observa resistencia al ácido nalidíxico (NA) desde el año 2014, resistencia a la tetraciclina (TE) desde el 2015, y resistencia al trimetoprim-sulfametoxazol (SXT) desde el 2017.

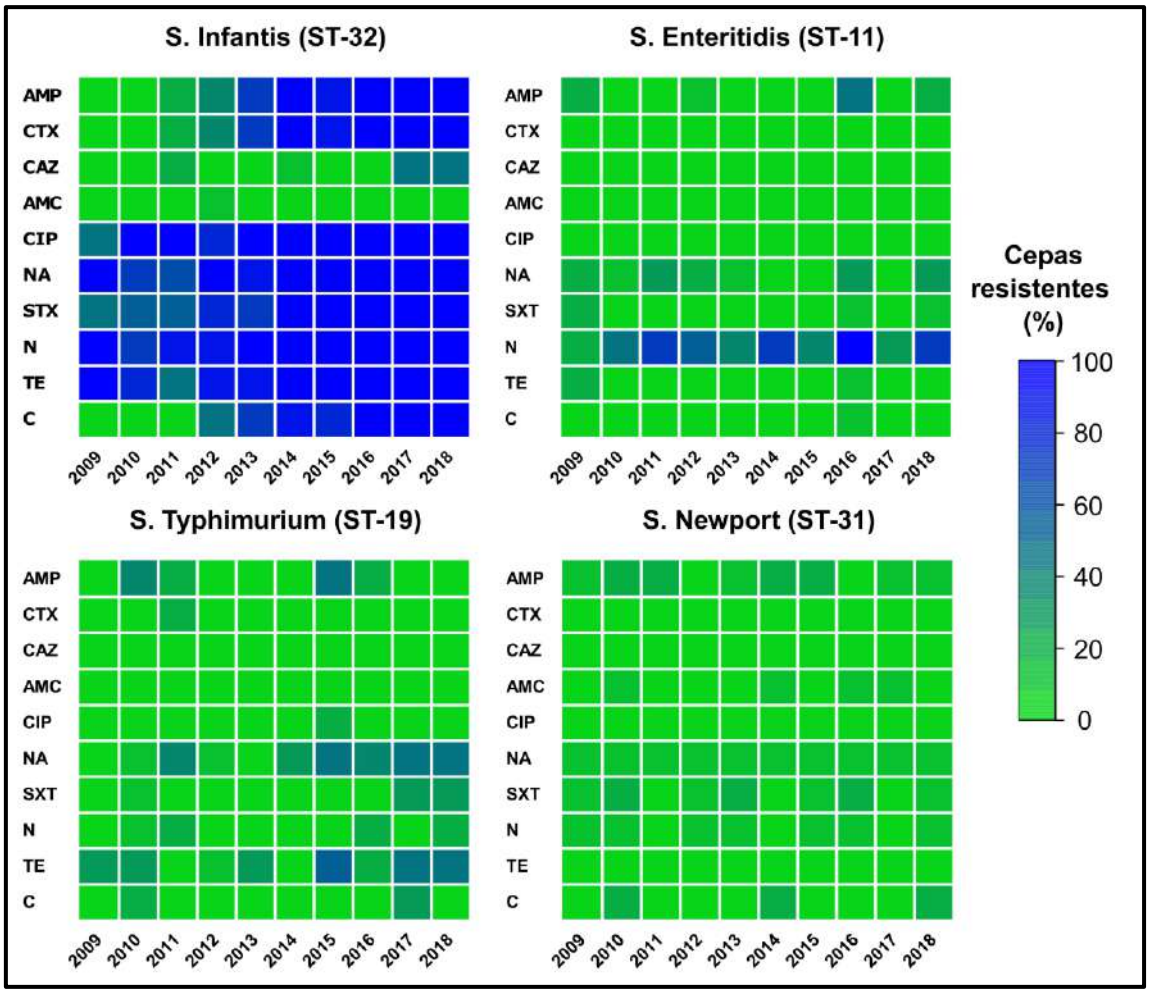


Figura 30. Mapas de calor de resistencia antimicrobiana de *Salmonella enterica* no tifoidea por serovar y secuenciotipo desde 2009 hasta 2018. AMP, ampicilina; CTX, cefotaxima: CAZ, ceftazidima; AMC: amoxicilina/ácido clavulánico; CIP, ciprofloxacina; NA, ácido nalidíxico; SXT, trimetoprim/sulfametoxazol; N, nitrofurantoína; TE, tetraciclina; C, cloranfenicol.

5.18. Genes implicados en la resistencia antimicrobiana de *Salmonella enterica* no tifoidea aislados en Perú

En total, se detectaron 54 genes implicados en la resistencia a los antimicrobianos (Anexos 24 y 25) para las siguientes familias de antimicrobianos: Aminoglucósidos (*aac, aad, ant, aph* y *strA*), anfenicoles (*cat* y *floR*), betalactámicos (*blaSHV, blaTEM, blaCTX-M* y *blaCARB*), diaminopirimidinas (*dfrA*), fluoroquinolonas (*qnr*), fosfomicina (*fosA*), lincosamidas (*lnuF*), macrólidos (*emrB*), polimixinas (*mcr*), sulfonamidas (*sul*) y tetraciclinas (*tet*). La gran mayoría de ellos poseen origen plasmídico. Asimismo, se detectaron 6 mutaciones cromosómicas que confieren resistencia a los antimicrobianos, todas relacionadas a la resistencia a las quinolonas: *gyrA* (S83F, S83Y D87G, D87N, D87Y) y *parC* (S80I).

Los genes más frecuentes detectados fueron *aac(3)-Iva* (20.9%, n=234), *ant(3'')-Ia* (37.6% n=422), *aph(3')-Ia* (32.3%, n=362), *aph(4)-Ia* (21%, n=236), *blaCTX-M-65* (20.3%, n=228), *dfrA14* (35.6%, n=399), *floR* (19.7%, n=221), *fosA3* (15.3%, n=172), *sul1* (36.6%, n=411) y *tetA* (38.4%, n=431), mientras que la mutación más frecuentemente observada fue D87Y en el gen *gyrA* (37.3%, n=419).

Al analizar la presencia y ausencia de los genes de resistencia con una frecuencia superior al 10% asociada a la filogenia (Figura 31), se puede apreciar dos cosas: 1) La mayor parte de los genes de resistencia se asocian a cepas del ST-32 (S. Infantis), lo cual va acorde a lo observado con los datos fenotípicos; y 2) Dentro del clado del ST-32, se observan dos grupos bien definidos, el primero con los genes *aph(3')-Ia*, *ant(3'')-Ia*, *dfrA14, sul1*, *tetA* y la mutación D87Y en *gyrA,* y el segundo, que a parte de los ya mencionados, presentan además a los genes *aph(4)-Ia, aac(3)-Iva*, *blaCTX-M-65*, *floR y fosA3*.

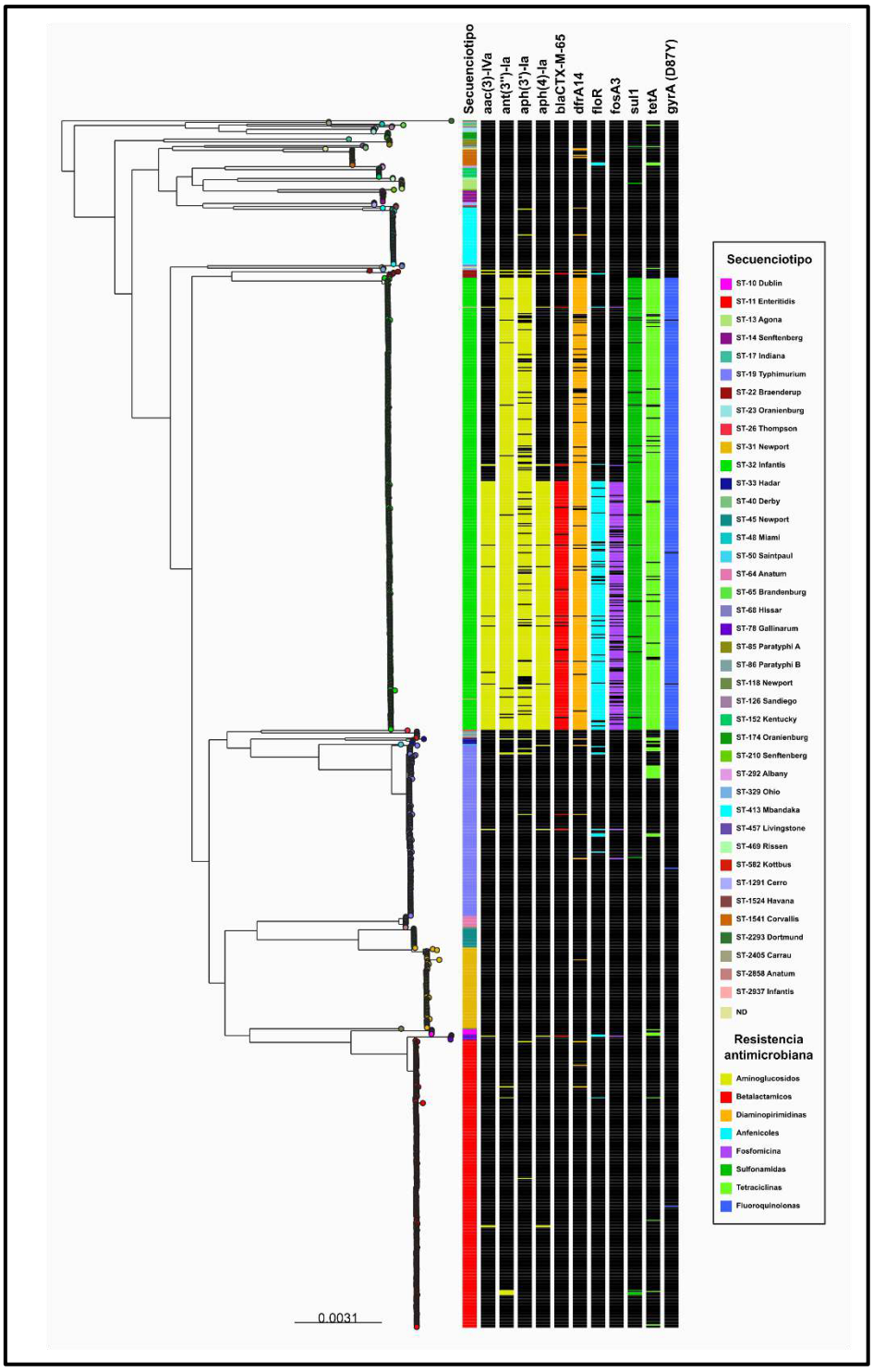


Figura 31. Árbol de máxima verosimilitud de *S. enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con genes de resistencia antimicrobiana. La primera columna indica el secuenciotipo al cual pertenece cada cepa, mientras que las columnas restantes indican la presencia o ausencia de los diferentes genes de resistencia antimicrobiana detectados. La figura solo indica los genes de resistencia que presentaron una frecuencia superior al 10%.

5.19. Genes de resistencia antimicrobiana de *S.* Infantis (ST-32) codificadas en plásmidos

Para entender las diferencias observadas dentro de S. Infantis con respecto a los genes de resistencia antimicrobiana detectados en las cepas peruanas, se realizó un mapeo genómico de cinco cepas de cada grupo frente al genoma cerrado del megaplásmido de S. Infantis FSIS1502169 (Número de acceso: NZ_CP016407).

Al analizar la figura, se pueden observar dos porciones del genoma de referencia que están ausentes en algunos de los genomas peruanos: La primera región, nominada como sitio 1, de aproximadamente 50 kpb; y la segunda región, nominada como sitio 2, de aproximadamente 10 kpb (Figura 32). La mayor diferencia observada se encuentra en el sitio 1, puesto que se observan dos patrones distintos: A) El del grupo interno, que carece del bloque de genes, y B) El del grupo externo, con el bloque de genes completo.

Al hacer un análisis más exhaustivo del sitio 1, comparando la referencia con dos genomas peruanos, uno con la región y otro carente del mismo (Figura 33), se puede observar que la región referida está relacionada a los genes de resistencia antimicrobianos *aph(4)-Ia, aac(3)-Iva, blaCTX-M-65, floR* y *fosA3* (remarcados con colores diferente a los de los otros genes dentro de la región), los cuales además están asociados a un integrón de tipo 2 (*int2*). Esto explicaría las diferencias observadas dentro del ST-32, los cuales, si bien todas presentan plásmido de resistencia, el grupo A carece de un bloque de genes que le permitiría ampliar su espectro de resistencia antimicrobiana.

Al revisar la temporalidad en la cual las cepas de cada grupo fueron aisladas, se pudo observar que las del grupo A fueron aisladas en su mayoría entre los años 2009-2012, mientras que las del grupo B fueron recuperadas mayormente posterior al año 2012.

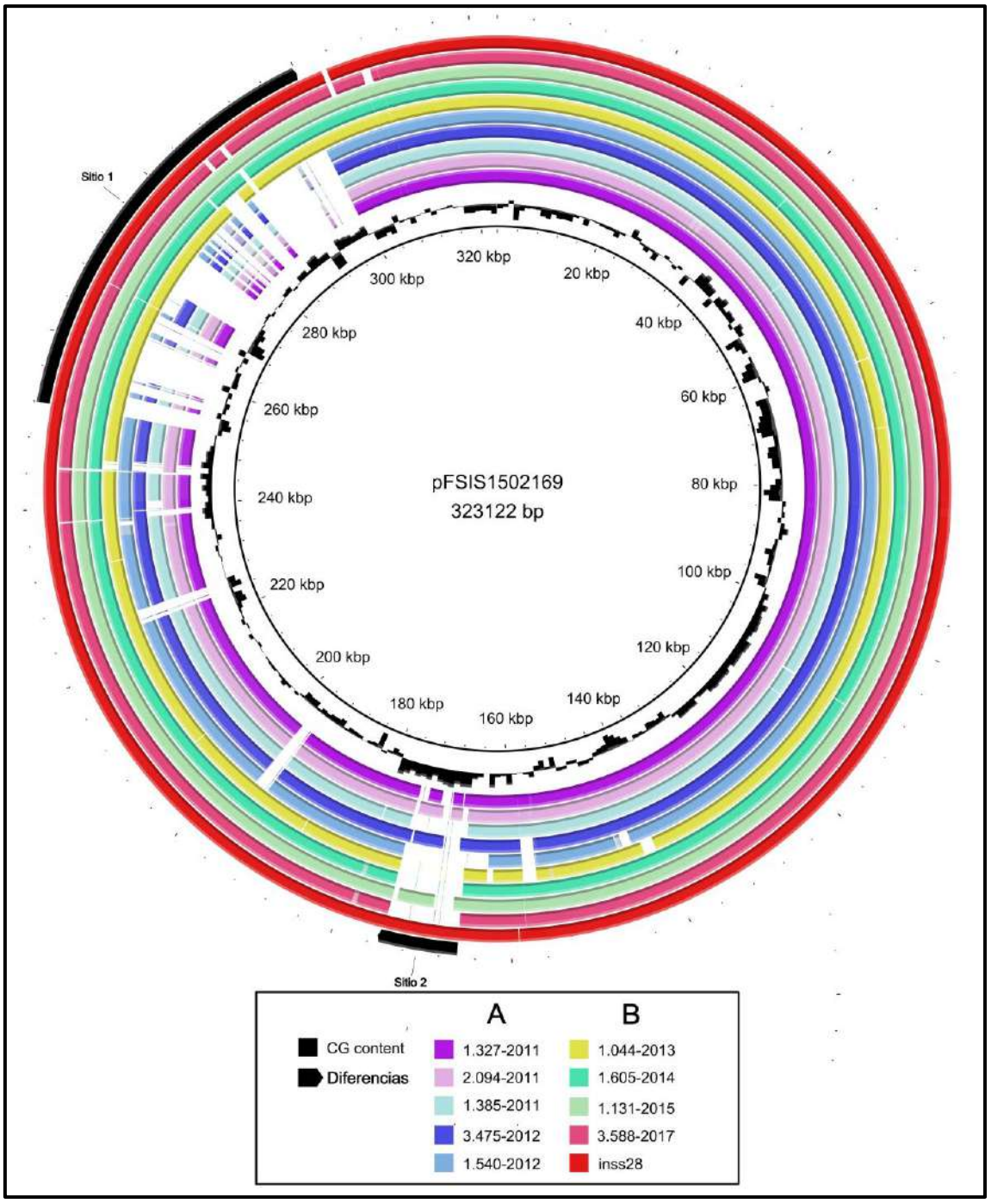


Figura 32. Regiones variables dentro del plásmido de resistencia de *Salmonella* Infantis aislados en Perú. Las letras denotan a cada uno de los grupos obtenidos según la filogenia. Las regiones del genoma que difieren entre las cepas peruanas se remarcan con una flecha de color negro.

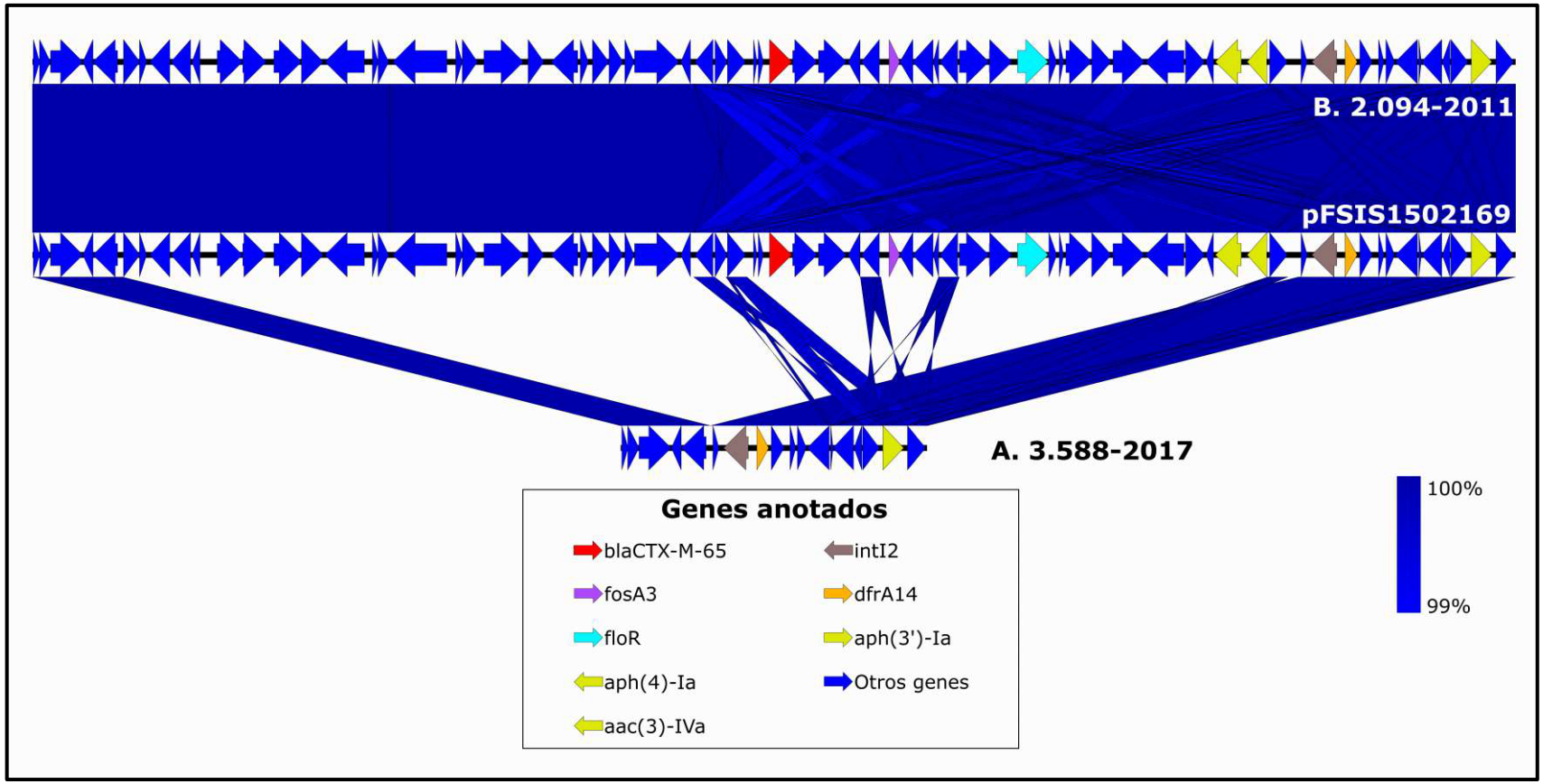


Figura 33. Comparación genómica del sitio 1 dentro del plásmido de resistencia de *Salmonella* Infantis con Easyfig y el algoritmo BLAST. La posición de esta región se compara entre genomas representativos, ubicando en el centro a la referencia. Las flechas representan las ubicaciones de las secuencias codificantes, y las líneas azules reflejan el grado de homología entre pares de fagos. Se remarca en colores diferentes al azul a las regiones codificantes involucradas en la resistencia antimicrobiana.

5.20. Comparación genética de otros plásmidos de *Salmonella enterica* no tifoidea aislados en Perú

Al comparar los plásmidos IncFIB(S) presentes en los ST-11 (*S.* Enteritidis) y ST-19 (*S.* Typhimurium) usando una referencia recuperada del GenBank (plásmido pSLT-BT, número de acceso: FN432031), se observaron múltiples diferencias. Con respecto a la referencia, ambos STs exhiben la ausencia de una pequeña región de aproximadamente 2 Kpb, flanqueada por los locus SLT-BT0161 y SLT-BT0181, y una región más grande de 19 Kpb asociada con la resistencia a los antimicrobianos, flanqueada por dos transposones *tnpA*. Además, el ST-11 carece de tres regiones que si presenta el ST-19: una pequeña de aproximadamente 0,5 Kbp correspondiente al locus SLT-BT0041, una mediana de 4,5 kbp flanqueada por los de locus SLT-BT0651 y SLT-BT0741, y uno grande de alrededor de 25 Kpb flanqueado por los genes de transferencia conjugativa *traR* y *traX* (Figura 34).

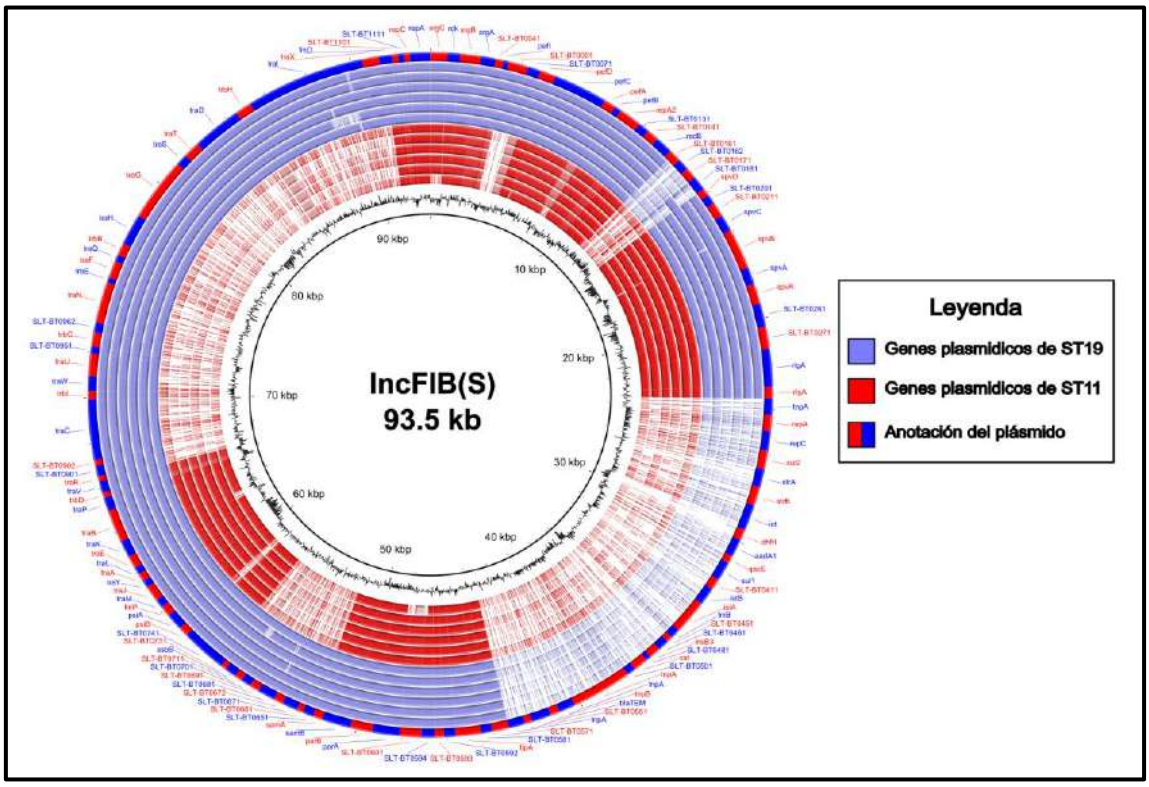


Figura 34. Regiones variables dentro del plásmido IncFIB(S) de *S.* Enteritidis (ST-11) y *S*. Typhimurium (ST-19) aislados en Perú. Los colores denotan a cada uno de los STs empleados en la comparación. Las regiones del plásmido que difieren con respecto a la referencia se visualizan como brechas sin color.

Por otro lado, al comparar los plásmidos IncFII(S) de los genomas ST-11, ST-19 y ST-31 usando una referencia recuperada del GenBank (plásmido pSPCV, número de acceso: CP000858), de igual forma se observaron diferencias importantes. Con respecto a la referencia, los tres STs exhiben la ausencia de una región de aproximadamente 3 Kpb, flanqueada por los locus SPC_p008 y SPC_p012, y variaciones en una región de aproximadamente 1 Kpb, flanqueada por los locus SPC_p047 y SPC_p049. Además, el ST-11 carece, a diferencia del ST-19 y ST-31, de una región de 11 Kpb flanqueada por los genes de transferencia conjugativa *traX* y *traT*, mientras que el ST-31 carece, a diferencia del ST-19 y ST-31, de una región de 9 Kpb que incluye, entre otros genes, el operón *pefABCD* (Figura 35).

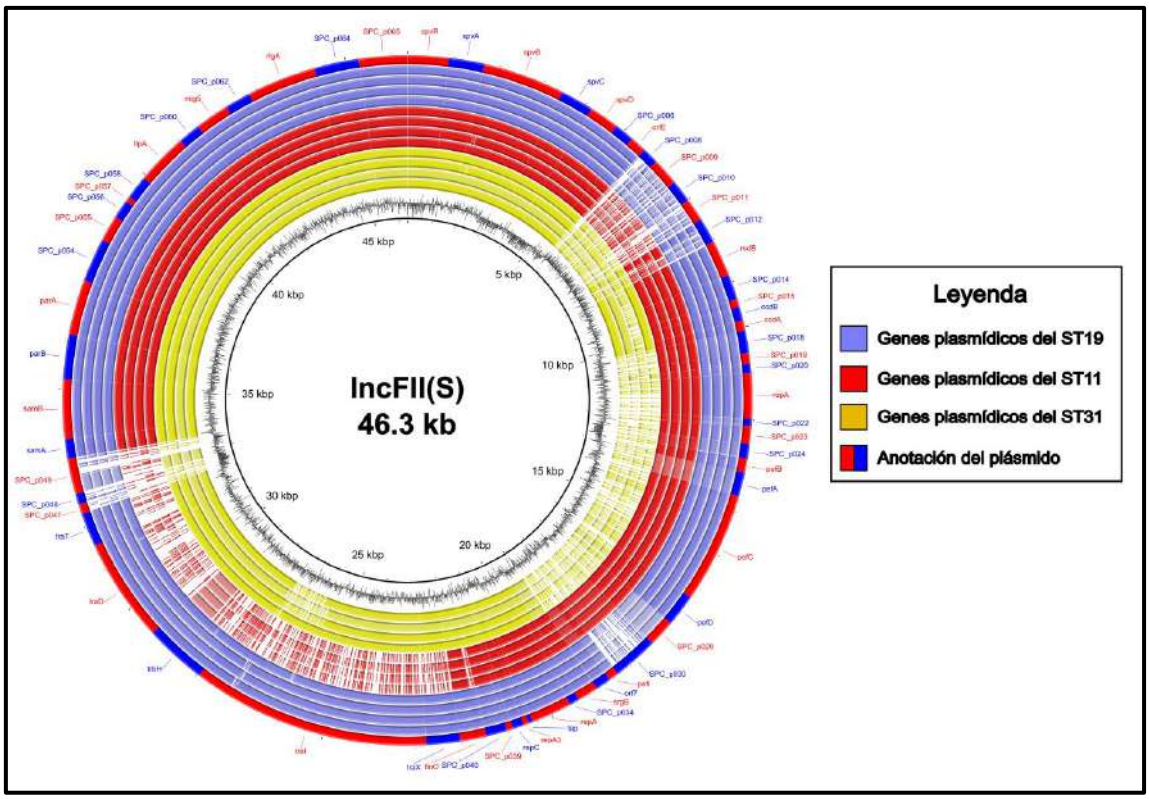


Figura 35. Regiones variables dentro del plásmido IncFII(S) de *S*. Enteritidis (ST-11), *S*. Typhimurium (ST-19) y *S*. Newport (ST-31) aislados en Perú. Los colores denotan a cada uno de los STs empleados en la comparación. Las regiones del plásmido que difieren con respecto a la referencia se visualizan como brechas sin color.

5.21. Profagos de *Salmonella enterica* detectadas en cepas peruanas

De los 1122 genomas analizados, el 98.7% (n=1107) presentó al menos una secuencia de profago completa. El 5.5% (n=62) presentó un profago, el 43.5% (n=448) dos profagos, el 30,3% (n=340) tres profagos y el 18,4% (n=206) presentó cuatro profagos.

Se detectaron un total de 70 profagos completos (Anexo 26), siendo los más prevalentes los asociados con Enterobacteriaceae (Entero), con un total de 24, y los profagos asociados a *Salmonella* (Salmon), con un total de 22. Similar a lo observado con los plásmidos, la distribución de la mayoría de profagos no parece seguir una distribución asociada con los secuenciotipos, a excepción de un grupo de ellos: Edward GF 2 (n=80) y Entero UAB Phi20 (n=38) forman un patrón de presencia con el ST-19; Salmón SP004 (n=66) con el ST-31; Entero BP_4795 (n=154), Escher 500465 (n=216), Escher pro483 (n=51), Salmon Fels 1 (n=124), Sxt2 c 1717 (n=239) y Yersin L 413C (n=360) con el ST-32; y Entero mEp234 (n=51) y Salmon Fels 2 (n=48) con el ST-413. Por el contrario, se detectaron profagos comunes como Gifsy 2 y Salmon 118970 en los ST-11 y ST-19; Salmón RE 2010 en los ST-11 y ST-31; y Gifsy 1 en los ST-19, ST-31 y ST-32 (Figura 36).

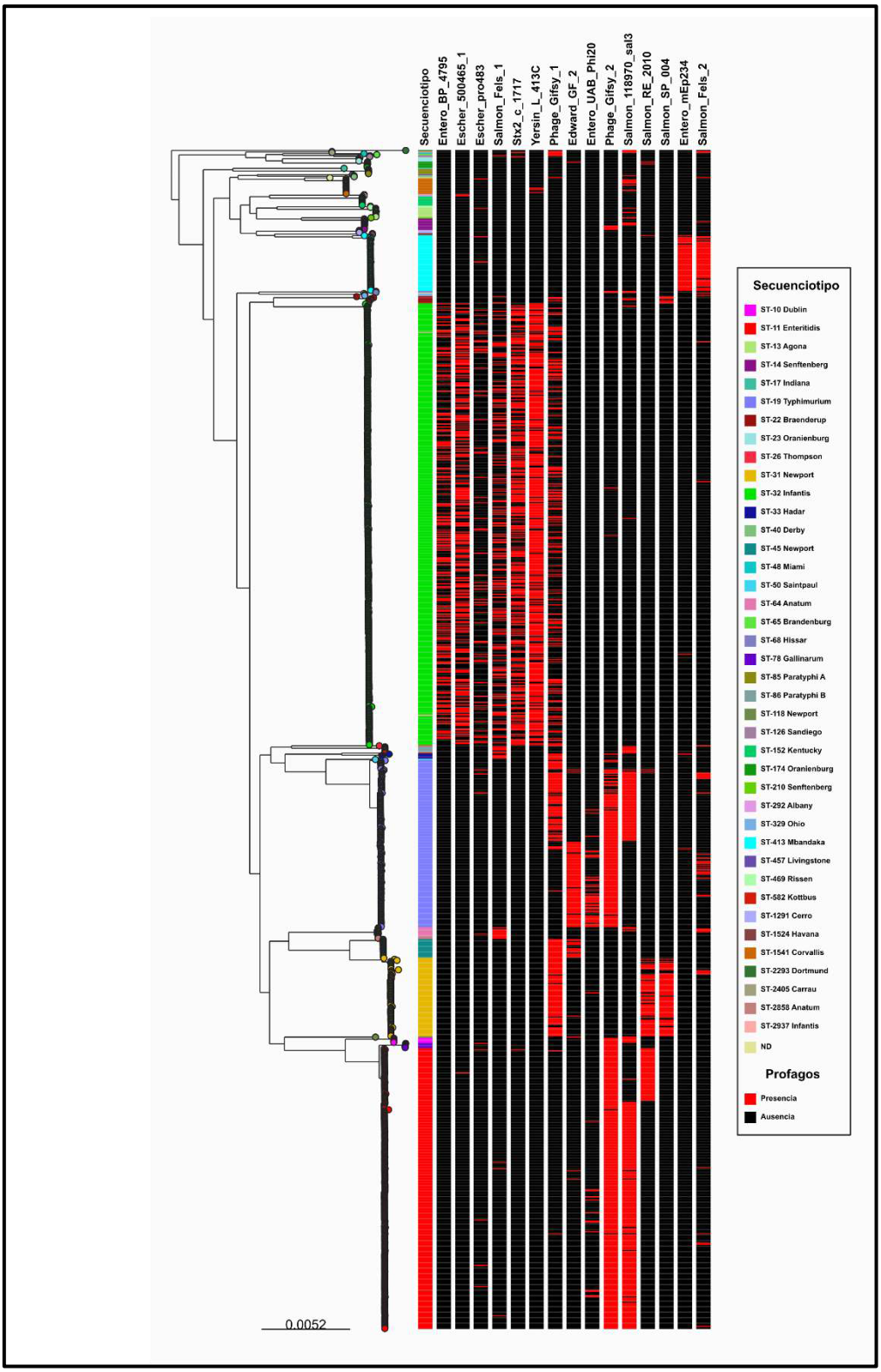


Figura 36. Árbol de máxima verosimilitud de *S. enterica* no tifoidea aislados en Perú y su asociación con profagos completos. La primera columna indica el secuenciotipo al cual pertenece cada cepa, mientras que las columnas restantes indican la presencia o ausencia de los diferentes plásmidos. La figura indica los profagos que están presentes en más del 5% de las cepas.

5.22. Análisis del pangenoma de *Salmonella enterica* no tifoidea aisladas en Perú

El pangenoma de los 1122 genomas de *Salmonella enterica* no tifoidea secuenciados en Perú fue abierto (γ=0.23), el cual consistió en 20061 genes agrupados, de los cuales el 13.4% (*core*=2696) perteneció al genoma central, y el 86.6% al genoma accesorio (*soft-core*=724, *shell*=2082, *cloud*=14559) (Figura 37). El genoma accesorio presentó una alta diversidad de contenido genético ligado mayormente al ST al que pertenecen (Figura 38).

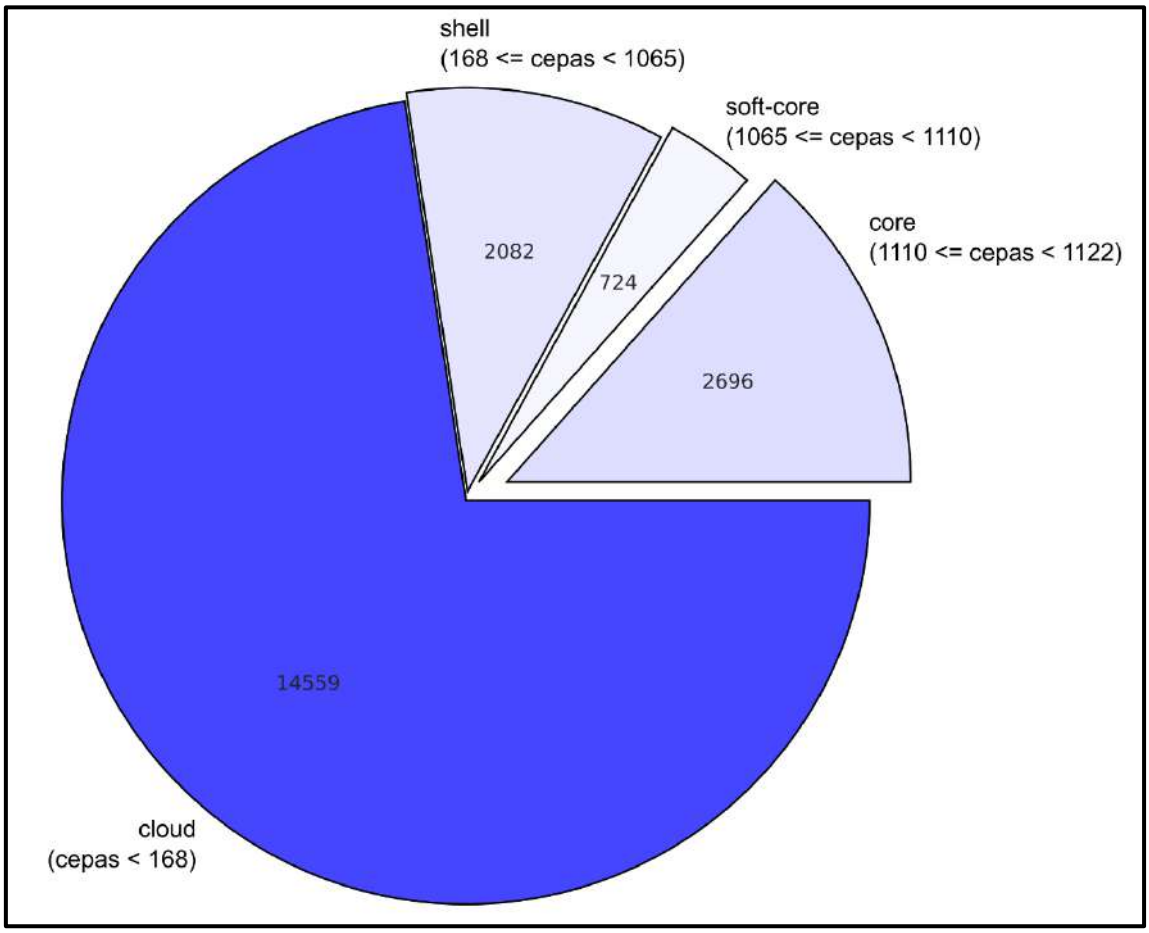


Figura 37. Gráfica de pie que muestra la proporción del repertorio de genes pertenecientes al *core, soft-core, shell y cloud* del pangenoma de *S. enterica* no tifoidea circulantes en Perú (n=1122).

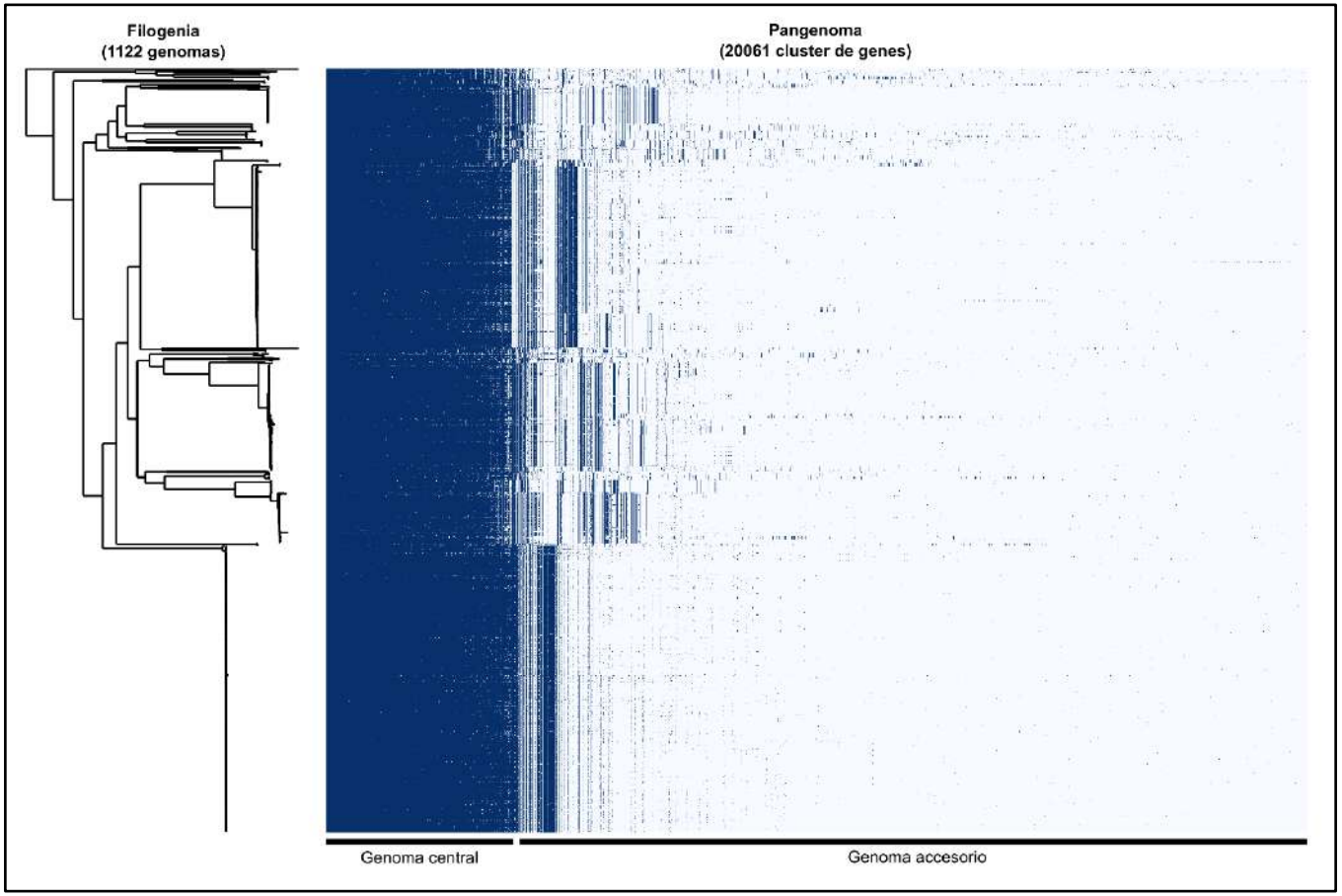


Figura 38. Pangenoma de *S. enterica* no tifoidea recuperada en Perú (n=1122). La matriz de presencia-ausencia de genes muestra la distribución de los genes en cada uno de los genomas incluidos en el análisis. El color azul indica la presencia de los genes en la matriz.

5.23. Secuencias codificantes y no codificantes en los serovares más frecuentes de *Salmonella enterica* no tifoidea en Perú

El promedio de secuencias codificantes de proteínas (CDS) para los serovares más frecuentes de *S. Enterica* no tifoidea en Perú fue de 4528, siendo menor para S. Mbandaka ST-413 y mayor para S. Infantis ST-11. Por otro lado, la frecuencia de los genes no codificantes (ARNr y ARNt) fue similar para todos los serovares incluidos en el análisis (Tabla 6).

Tabla 6. Secuencias codificantes y no codificantes de los serovares de *S. enterica* no tifoidea más frecuentes en Perú

Serovar	ST	CDS	ARNr	ARNt
S. Infantis	ST-32	4670	3	75
S. Enteritidis	ST-11	4466	3	74
S. Typhimurium	ST-19	4568	3	78
S. Newport	ST-31	4529	3	71
S. Mbandaka	ST-413	4406	3	79
NTS	-	4528	3	74

Con respecto a las secuencias codificantes, el 82.8% pudieron ser clasificadas de acuerdo al COG, las cuales se agruparon en 23 categorías diferentes, encontrando que el mayor porcentaje de genes codifican para el transporte y metabolismo de carbohidratos (10.4%), seguido del transporte y metabolismo de aminoácidos (9.5%), transcripción (8.3%) y biogénesis de pared celular y membrana (7.8%), mientras que un porcentaje menor estuvo dirigido al control del ciclo celular y división (1.5%), biosíntesis y catabolismo de metabolitos secundarios (1.5%), estructuras extracelulares (0.4%) y procesamiento y modificación del ARN (0.1%). Además, se resalta la presencia de genes relacionados con la replicación, recombinación y reparación del material genético (4.2%), así como genes derivados del mobiloma (1.9%) (Figura 39, Anexo 27).

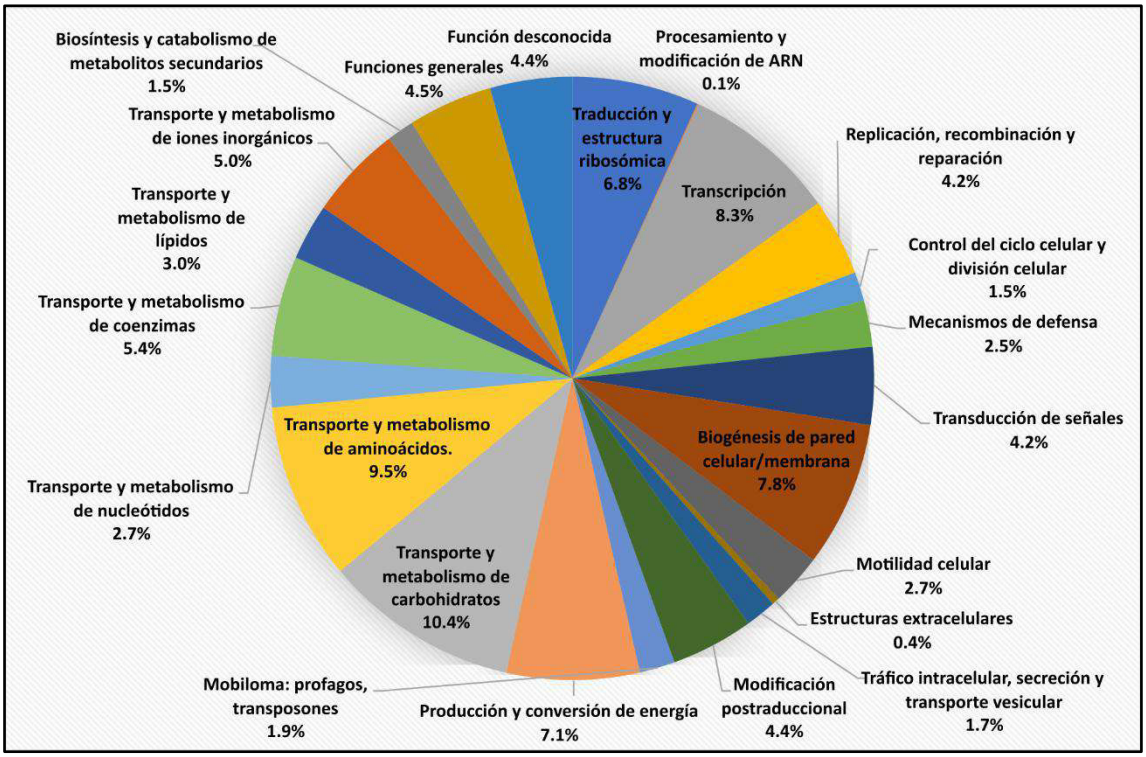


Figura 39. Clasificación de las secuencias codificantes de *Salmonella enterica* no tifoidea de acuerdo con el análisis funcional del COG.

5.24. Genómica comparativa de los serovares más frecuentes de *Salmonella enterica* no tifoidea en Perú

El análisis del pangenoma realizado en los cinco STs más frecuentes en Perú reveló que presentan un genoma central que comprende 3787 genes agrupados (61,5%), y un genoma accesorio que consta de 2368 genes agrupados (38.5%). Además, se observó una gran similitud entre los genomas que pertenecen a un mismo ST, denotado por la presencia compartida de genes accesorio, así como por el mapa de calor de los valores promedio de identidad de nucleótidos (ANI) (Figura 40).

En general, los genes accesorios compartidos entre las cepas de los cinco ST más frecuentes implican principalmente genes de virulencia, plásmidos y profagos. En particular, *S.* Infantis ST-32 exhibió la mayor cantidad de genes exclusivos, con un total de 263, predominantemente asociados con la conjugación bacteriana, la replicación y la recombinación de fagos y plásmidos. Entre ellos, se destacan los genes plasmídicos del operón de transferencia (genes *tra*) del plásmido pESI (Anexo 28). En el caso de *S.* Enteritidis ST-11, se identificaron 151 genes exclusivos, destacando los relacionados con procesos

de invasión bacteriana, formación de fimbrias, así como fragmentos asociados a profagos (Anexo 29). *S.* Mbandaka ST-413 presentó 138 genes exclusivos, muchos de los cuales están relacionados con procesos de recombinación que involucran profagos (Anexo 30). *S.* Newport ST-31 codificó 95 genes exclusivos relacionados con la replicación bacteriana, el metabolismo de los carbohidratos y las proteínas derivadas de profagos (Anexo 31). Finalmente, *S.* Typhimurium ST-19 exhibió la menor cantidad de genes exclusivos comparada con los otros STs, con un total de 90 genes involucrados especialmente en el metabolismo de los carbohidratos, la replicación bacteriana y la recombinación de profagos, particularmente Gifsy 2 (Anexo 32).

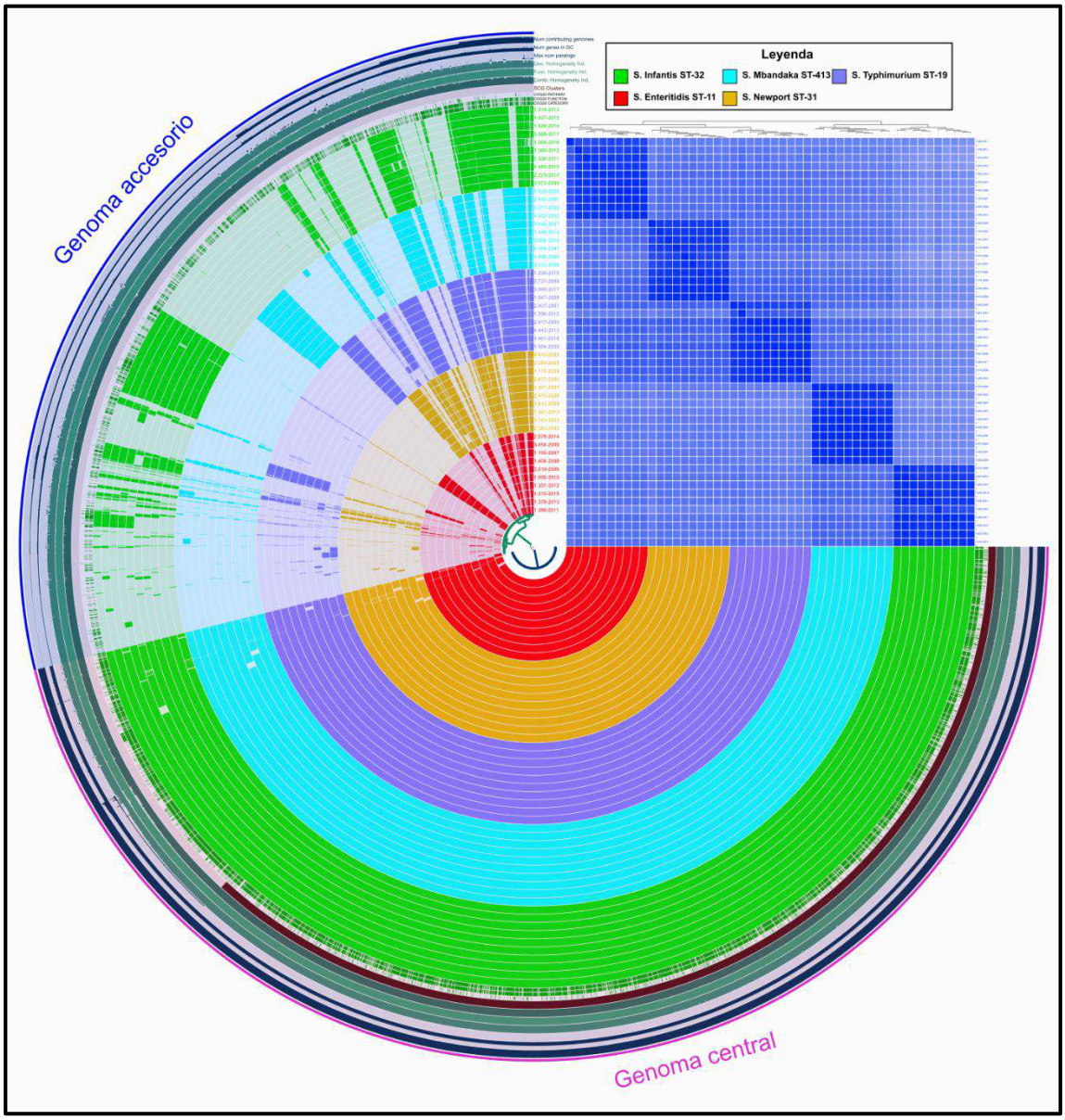


Figura 40. Análisis genómico comparativo realizado sobre los genomas de los STs de NTS más frecuentes que circulan en el Perú (n=50). Las capas internas representan genomas individuales organizados en función de MLST y sus relaciones filogenéticas dentro del árbol de máxima verosimilitud, utilizando la codificación de colores previamente establecida. Los colores oscuros en estas capas indican la presencia de un grupo de genes, mientras que los colores claros denotan su ausencia. La capa más externa representa los genomas centrales y accesorios en rojo y azul, respectivamente. Las capas azules representan la cantidad de genomas que contribuyen a cada grupo de genes, el contenido de GC de los genes y la cantidad de parálogos. Las capas de color verde oscuro representan los índices de homogeneidad genética, funcional y combinada. Además, se presenta el mapa de calor de los valores promedio de identidad de nucleótidos (ANI), que indica una alta similitud en azul oscuro y una baja similitud en azul claro.

VI. DISCUSIÓN

6.1. Distribución temporal y dinámica de casos de *S. enterica* no tifoidea en Perú

Las infecciones de origen alimentario se han incrementado en las últimas décadas, debido a las variaciones en el medio ambiente y la capacidad de los patógenos de adaptarse a nuevos nichos ecológicos (Guyassa y Dima, 2022). Dentro de estos patógenos, destaca el grupo de las *Salmonella* no tifoidea, cuya frecuencia de infecciones a nivel mundial ha venido en ascenso, siendo favorecida, además de los factores ya mencionados, por el incremento de la resistencia a los antimicrobianos que ha permitido la diseminación de distintas serovariedades y secuenciotipos (Chen et al., 2022).

La presencia y circulación de diversas serovariedades de *Salmonella* no tifoidea en Perú han sido señaladas en una gran cantidad de estudios previos (Silva et al., 2017; Quino et al., 2019; Quino et al., 2020a; Vallejos-Sanchez et al., 2019; Hurtado et al., 2022); sin embargo, debido al número limitado de cepas incluidas en esos estudios, centrándose mayormente en una serovariedad, no se había podido demostrar claramente los cambios en la dinámica de las poblaciones y serovariedades de las cepas no tifoidea a lo largo del tiempo. Por lo tanto, este estudio revela, por primera vez, la dinámica real de los serovares de *Salmonella* no tifoidea en el Perú. La dinámica de los serotipos, evaluada inicialmente con datos netamente epidemiológicos, particularmente su fecha de aislamiento, reveló que *S*. Enteritidis y *S*. Typhimurium han sido responsables de la mayor parte de casos positivos a *Salmonella* no tifoidea en el país entre los años 1998 al 2011, y sumándose *S*. Infantis desde el 2012. Aunque la dinámica de los serotipos varía entre continentes y países, la mayoría de los estudios indican que *S*. Enteritidis y *S*. Typhimurium son los más prevalentes a nivel mundial (Xu et al., 2021; Gong et al., 2022), una tendencia que se alinea con los hallazgos de este estudio. Sin embargo, es interesante cómo S. Infantis desplaza a estos dos serotipos en los últimos años, una tendencia creciente que se ha observado previamente en otros países de las Américas (Álvarez et al., 2023). Perú es uno de los países donde *S.* Infantis ocupa en años recientes la primera posición en términos de frecuencia de aislamiento, tal y como lo demuestra en este estudio.

6.2. Caracterización fenotípica y genómica de *S. enterica* no tifoidea circulante en Perú

La identificación tradicional de *Salmonella* está definida por un patrón bioquímico establecido previamente (Brenner et al., 2007): Bacterias oxidasa negativas, incapaces de fermentar la lactosa y con producción de H_2S. Además, son capaces de emplear el citrato de sodio como sustrato de crecimiento, excluyendo al grupo de las *Salmonella* tifoidea, por lo que es un primer punto a considerar para la diferenciación entre dicho grupo y las *Salmonella* no tifoidea. Las cepas incluidas en la primera fase de este estudio se ajustaron correctamente a los patrones bioquímicos de una *Salmonella* no tifoidea.

Aunque el patrón bioquímico es el punto de partida de la caracterización de *Salmonella*, el método considerado como *gold standard* para la tipificación de este grupo microbiano es la serotipificación, la cual se fundamenta en el empleo de antisueros que detectan los antígenos de superficie específicos de cada serovar (Alikhan et al., 2018). Las cepas incluidas en este trabajo pudieron ser tipificadas a nivel de serovariedad sin inconveniente debido a que se trabajaron en un centro de referencia nacional; sin embargo, al recuperar información de cepas de otros países, especialmente a nivel genómico, muchas veces no se indica a que serovariedad pertenece, por lo que en estos casos se opta por inferir esta información empleando herramientas complementarias como la bioinformática (Zhang et al., 2019, Quino et al., 2020b).

Asimismo, en este trabajo se aplicó PCR y MALDI-TOF para confirmar la especie *Salmonella enterica* previa a la secuenciación, cuyos resultados fueron concordantes con estudios previos realizados en el Perú y el mundo (Kang et al., 2017; Ibrahim y Morin, 2018; Parra-Payano et al., 2019; Ríos et al., 2019; Zakaria et al., 2020).

Gracias a la reducción de costos en las tecnologías de secuenciación, en la actualidad múltiples laboratorios optan por recuperar el genoma de las cepas de interés, y en base esta información predecir el serovar más probable (Zhang et al., 2019). Aunque se disponen de diversas herramientas bioinformáticas para lograr esto, en este trabajo se escogió la MLST desarrollada por Achtman et al. (2012) debido a que la mayoría de trabajos realizados en *Salmonella* la aplican como método de genotipificación, por lo que facilitará en gran medida los análisis

de contraste entre las cepas circulantes en Perú y las presentes en otros países del mundo.

En función a lo obtenido por MLST, se determinó la circulación de cinco secuenciotipos de alta frecuencia, de los cuales se tiene reportes de circulación confirmada al ST-32 (Quino et al., 2019; Vallejos-Sanchez et al., 2019), ST-11 (Silva et al., 2017; Quino et al., 2020a) y ST-19 (Silva et al., 2017; Hurtado et al., 2022), mientras que de los ST-31 y ST-413 no se tiene referencia de circulación al nivel de secuenciotipo. En cuanto a los secuenciotipos con menor frecuencia detectados dentro de la diversidad de Perú, el trabajo de Silva et al. (2017) es uno de los pocos que reportó a algunos de ellos, tales como ST-10 (Dublin) y ST-68 (Choleraesuis), mientras que los secuenciotipos restantes no son mencionados en ningún otro estudio realizado en Perú, evidenciando la falta de estudios que emplean técnicas de secuenciación y genómica.

6.3. Serovares y secuenciotipos más frecuentes de *S. enterica* no tifoidea en Perú

S. Infantis (ST-11) representó el serovar con la mayor frecuencia de la diversidad total de *Salmonella* circulante en Perú. Sobre ello, se conoce que desde el 2010 se produjo un incremento atípico de infecciones por *Salmonella* en pacientes pediátricos de la ciudad de Lima, lo que condujo a identificar a esta serovariedad como responsable de este brote, posicionándola en ese momento como la tercera más frecuente del país (Zamudio et al., 2011), y que con el paso del tiempo paso a posicionarse como la serovariedad más frecuente por encima de *S.* Enteritidis y *S.* Typhimurium (Quino et al., 2020b). Lo que hace interesante a este serovar es su amplio espectro de resistencia antimicrobiana a múltiples familias de antibióticos tales como betalactámicos, fluoroquinolonas, cloranfenicol, entre otros; espectro que se presentaba usualmente como multidrogorresistencia, y que sumado a la presencia del fenotipo BLEE, la cataloga como una cepa de gran importancia en salud pública (García et al., 2019; Granda et al., 2019; Quino et al., 2019). Debido a estas propiedades, su diseminación se vio enormemente favorecida hasta lo que conocemos al día de hoy, posicionándose como la serovariedad de *Salmonella* más frecuente en Perú.

S. Enteritidis (ST-11) representa el serovar con la mayor prevalencia histórica en Perú, siendo incluso detectada en momias de la época preincaica (Sawicki et al.,

1976). Si bien en este estudio representa la segunda serovariedad más frecuentemente reportada, es preciso recalcar que es un efecto provocado al incluir cepas de un periodo de tiempo que abarca los últimos 20 años; sin embargo, muchos de los brotes humanos ocurridos por *Salmonella* en el país han sido causado por esta serovariedad, inclusive luego de ser desplaza por *S.* Infantis como la más frecuente, tal y como lo señalan diversas investigaciones (Jhusey et al., 1994; Arias et al., 2008; Carrasco-Escobedo et al., 2013, Quino et al., 2020b). Aunque se tiene reportes de resistencia antimicrobiana de este serovar frente a algunos grupos antibióticos empleados de rutina en el tratamiento de infecciones por *Salmonella*, lo más común es encontrar cepas con resistencia a una o máximo dos familias de antibióticos, y cuya frecuencia es mucho menor a la observada en *S.* Infantis (Quino et al., 2020b). Debido a ello, se sospecha que es más sencillo controlar una infección por *S.* Enteritidis que una de *S.* Infantis, por lo que su diseminación en el Perú pudo ser frenada con mayor facilidad, y si bien ha perdido terreno frente a *S.* Infantis, su frecuencia permite señalar que no se debe descuidar ya que aún continúa circulando con una tasa importante. Por otro lado, hasta la fecha no se ha reportado una cepa de *S.* Enteritidis multidrogorresistente o con el fenotipo BLEE, pero no se descarta que aparezca en el futuro y sea introducida en el país, reforzando la idea de seguir vigilando y controlando las infecciones por esta serovariedad.

Como tercera serovariedad más frecuente en Perú tenemos a *S.* Typhimurium (ST-19), la cual tambien fue desplazada por *S.* Infantis, tal y como ocurrió con S. Enteritidis, pero que aún mantiene una presencia importante en Perú. Además de los seres humanos, en los cuales ha habido diversos reportes de infecciones en el país repetidas veces en el pasado (Silva et al., 2017; Hurtado et al., 2022), se destaca una gran importancia en el sector animal, ocasionando infección y mortalidad en animales de consumo humano, especialmente los cuyes (Chero et al., 2017; Salvatierra et al., 2018; Carhuaricra-Huaman et al., 2022; Hurtado et al., 2023), lo cual entra en contraste con *S.* Infantis y *S.* Enteritidis, serovariedades que causan mayores problemas dentro del sector avícola (Vallejos-Sánchez et al., 2019; Martínez-Puchol et al., 2021; Huberman et al., 2022). A diferencia de *S.* Enteritidis, si se ha descrito cepas con multidrogorresistencia de *S.* Typhimurium, en particular frente a los betalactámicos y las fluoroquinolonas, además de antibióticos potentes como la

colistina; sin embargo, la frecuencia de estos determinantes de resistencia es menor si lo comparamos con lo observado en *S.* Infantis (Hurtado et al., 2022).

La importancia de *S.* Infantis, *S.* Enteritidis y *S.* Typhimurium supera las fronteras de Perú, puesto que se disponen de diversas investigaciones realizadas sobre estas serovariedades empleando genómica y MLST a nivel de Sudamérica, especialmente en Brasil (Campioni et al., 2017; Panzenhagen et al., 2018; Bertani et al., 2022) y Chile (Toro et al., 2016; Pardo-Éste et al., 2021; Parra-Flores et al., 2022); sin embargo, dentro de las serovariedades más frecuentes reportadas a nivel de los países de Sudamérica, resalta el caso de *S.* Heidelberg, cuya circulación en Perú no ha sido reporta en ningún estudio local hasta la fecha, pero si representa una serovariedad muy frecuente en los países cercanos como Brasil (Webber et al., 2019), Chile (Aravena et al., 2019), Colombia (Castro-Vargas et al., 2021), Argentina (Domínguez et al., 2021) y Venezuela (Gonzáles y Araque, 2013). Este serovar tiene una amplia distribución geográfica, ubicándose dentro de las diez serovariedades más frecuente en el planeta (Webber et al., 2019), y no solo causa problemas en el ser humano, sino que tambien afecta en gran medida a la industria avícola, especialmente porque la mayoría de las cepas presentan resistencia múltiple a los antimicrobianos, dificultando el tratamiento de personas y animales afectados (Aravena et al., 2019). Aunque no se ha observado su presencia en Perú, es necesario mantener una vigilancia epidemiológica molecular adecuada y estar alertas frente a una introducción de esta serovariedad que ya se encuentra diseminada en nuestros países vecinos. El impacto de la introducción de esta serovariedad, sumada a la presencia de las tres serovariedades más frecuentes en nuestro entorno, puede impactar fuertemente en nuestro territorio, ocasionando brotes humanos y mortalidad animal que conllevaría a pérdidas económicas importantes.

A nivel mundial, *S.* Enteritidis y *S.* Typhimurium representan las dos serovariedades predominantes asociadas a infecciones humanas y patogénesis animal (EFSA and ECDC, 2018); sin embargo, debido a que cada serovariedad está compuesta por diferentes secuenciotipos, es posible observar la predominancia de alguno de ellos circulando en una determinada región (Branchu et al., 2018; Aung et al., 2022). Por ejemplo, S. Enteritidis presenta una gran cantidad de secuenciotipos, siendo los más frecuentes los ST-11 y ST-1925. Ambos STs presentan una distribución geográfica extendida, y han sido

recuperados de múltiples fuentes humanas, animales y de origen alimentario (Aung et al., 2019; Gu et al., 2020). Si bien el ST-11 es el más prevalente a nivel global causando tanto infecciones gastrointestinales como extraintestinales (Kariuki et al., 2019), el ST-1925 presenta una importante frecuencia en algunos países, especialmente en Asia (Aung et al., 2022). En este trabajo, todas las cepas de S. Enteritidis correspondieron a cepas del ST-11 a lo largo del periodo de tiempo evaluado. Por su parte, S. Typhimurium tambien posee diversos secuenciotipos. El ST-19 representa el tipo ancentral, por lo que la gran mayoría de S. Typhimurium circulantes a nivel mundial pertenecen a este grupo. Debido a ello, presentan una diversidad considerable, aunque patogénicamente están asociados mayormente a gastroenteritis (Branchu et al., 2018). Esta descripción encaja con lo observado en las cepas peruanas. Otros secuenciotipos de relevancia lo constituyen el ST-313, causante de infecciones diseminadas en el torrente sanguíneo de pacientes inmunocomprometidos, siendo particularmente prevalente en África subsahariana (Pulford et al., 2020), y el ST-213, poseedor de un plásmido que confiere resistencia a las cefalosporinas de espectro extendido, cuya circulación parece estar restringida particularmente a Norteamérica y el Reino Unido (Serrano-Fujarte et al., 2024). En este estudio no se registró cepas de S. Typhimurium de otros secuenciotipos diferentes al ST-19 circulantes en Perú.

S. Infantis constituye uno de los serovares emergentes de *Salmonella* no tifoidea vigilados a nivel mundial debido a su alta frecuencia de aislamiento, particularmente en la cadena de producción avícola (Guzinski et al., 2023). Al igual que los serovares previamente mencionados, presenta múltiples secuenciotipos, siendo el ST-32 el que posee una amplia diseminación global, poseedor de un megaplásmido conjugativo que le proporciona propiedades de resistencia que podrían haber contribuido al aumento de la frecuencia de este secuenciotipo (Aviv et al., 2014); sin embargo, no se ha observado que este grupo posea una mayor virulencia que otros serovares (Guzinski et al., 2023). Otros secuenciotipo importante reportado lo constituyen el ST-2283, el cual tambien posee un megaplásmido que le confiere resistencia a los antimicrobianos, aunque posee una estructura genética diferente al observado en el ST-32 (Alba et al, 2020). Este secuenciotipo parece estar incrementando su frecuencia en algunos países de Europa como Alemania, desplazando al ST-

32 (García-Soto et al., 2020). Además, existen secuenciotipos de *S.* Infantis que se encuentran filogenéticamente poco emparentados con el ST-32 y que presentan una frecuencia importante, como el ST-603, cuya mayor parte de reportes provienen de Sudáfrica. Este secuenciotipo tambien parece ser un clon emergente, pero a diferencia del ST-32, no se caracteriza por la presencia de un plásmido de resistencia (Mattok et al., 2022). En este trabajo, se detectaron dos secuenciotipos de S. Infantis para Perú, el altamente frecuente ST-32 poseedor de megaplásmido, y el ST-2937, con una frecuencia muy baja y de la cual se tienen escasos reportes, pero relacionada filogenéticamente al ST-32.

Por otro lado, *S.* Newport tambien constituye otro de los serovares emergentes de alta frecuencia global, asociado a numerosos brotes transmitidos por alimentos (Cao et al., 2013). Este serovar tiene la particularidad de ser polifilético, es decir, no presentan un origen común y poseen una alta diversidad genómica, describiéndose al menos 3 grandes linajes (Pan et al., 2018); y, por ende, una numerosa cantidad de secuenciotipos. Dentro del linaje I, se destaca al ST-166, aislada mayormente de casos clínicos humanos (Hugo et al., 2024). Por otro lado, dentro del linaje II, se destacan al ST-45, aislada mayormente del ganado bovino (Elbediwi et al., 2020), y el ST-31, recuperado mayormente de fuentes humanas (Paudyal et al., 2020). Este clado se asocia mayormente a cepas resistentes a múltiples antibióticos, por lo que posee una mayor vigilancia a nivel global (Pan et al., 2018). Finalmente, dentro del linaje III, se destaca a los ST-118 y ST-5, recuperados mayormente de aves silvestres y animales de origen acuático (Antunes et al., 2018, Gomez-Neto et al., 2021). En este trabajo solo se encontraron cepas de los ST-31 y ST-45, ambos pertenecientes al linaje II.

Finalmente, *S.* Mbandaka se posiciona como otros de los serovares emergentes, observándose una propagación mundial de este serovar asociado al consumo de carne y cereales, por lo cual representa una gran amenaza para la seguridad alimentaria en Estados Unidos (Keaton et al., 2022) y países de la Unión Europea (Eurosurveillance editorial team, 2013). Además, se han reportado cepas multidrogorresistentes, lo que incrementa su interés en salud pública (Zając et al., 2024). Sin embargo, a diferencia de los serovares anteriormente mencionados, se dispone de un número limitado de cepas completamente secuenciadas de S. Mbandaka, lo cual dificulta entender correctamente sus características epidemiológicas y filogenéticas (Lv et al.,2024). El secuenciotipo

más frecuentemente reportado de este serovar es el ST-413, el cual parece tener un amplio rango de hospederos y amplia diseminación global, lo que favorecería su supervivencia en la cadena alimentaria y lo convierte en una amenaza para desencadenar brotes transmitidos por alimentos, mientras que la información de otros secuenciotipos de este serovar es escasa y solo se limita a reportes esporádicos, tales como el ST-1602 reportado en países de Europa y el ST-2404 en Norteamérica (Antony et al., 2020). En este trabajo, solo de detectó al ST-413, representando además uno de los pocos registros de este serovar en el país.

6.4. Componentes del viruloma de *S. enterica* no tifoidea circulante en Perú

Salmonella enterica no tifoidea causa enfermedad en el ser humano y animales gracias a una serie de moléculas sintetizadas por la bacteria que favorecen su supervivencia a los ácidos gástricos estomacales, su adherencia y colonización de la mucosa intestinal, la invasión a los enterocitos y su capacidad para sintetizar una serie de toxinas que desestabilizan a las células en su beneficio (Lerminiaux et al., 2020). La base de la mayoría de dichas moléculas se encuentra codificada dentro del ADN bacteriano, y un buen número de ellas han sido adquiridas por transferencia genética horizontal (Lawrence et al., 2021). Algunas de las regiones genéticas más grandes de *Salmonella enterica* la constituyen las islas de patogenicidad (PAI), presentando un tamaño que oscila entre 10 a 200 Kb y se encuentran integradas dentro del cromosoma bacteriano (Lerminiaux et al., 2020). Debido a que representan la maquinaria principal de virulencia de *Salmonella*, estas reciben el nombre particular de islas de patogenicidad de *Salmonella* (SPI), de las cuales se han reportado alrededor de 23 (Abuaita et al., 2021).

Estudios previos indican que las SPI puede tener una gran variación entre diferentes serotipos, lo que probablemente se deba a la evolución continua del SPI y la especificidad del huésped (Andesfha et al., 2019). Además, se menciona que las SPI-1 al SPI-5, así como las SPI-9, SPI-13 y SPI-14 forman parte del genoma central de *Salmonella enterica* no tifoidea (Suez et al., 2013), aunque existen estudios que no se ajustan a esta información, señalando a la metodología empleada para su detección como principal fuente de variación (Hsu et al., 2019). En este trabajo se observó que las SPI-1, SPI-2, SPI-3 y SPI-

9 estuvieron presentes en todas las cepas de *Salmonella enterica* no tifoidea, y aunque no se detectaron en algunas cepas, las SPI-4, SPI-5, SPI-13 y SPI-14 presentaron una alta frecuencia a comparación de las otras SPI incluidas para el análisis, por lo que, si bien no se ajusta totalmente a la premisa de Suez et al., es evidente que todas ellas representan un componente importante implicado en la patogenicidad de *Salmonella enterica*.

Los SPI se consideran trascendentales para entender la evolución de *Salmonella enterica* además de desempeñar un papel fundamental en la patogénesis y la especificidad del hospedero (Lerminiaux et al., 2020). Debido a ello, existe mucho interés en estudiarlas, y si bien ciertas SPI como las SPI-1 y SPI-2 se conocen con mayor detalle, otras SPI identificados recientemente aún mantienen mucha información por desvelar, así como su distribución a través de los serovares y su papel en el desarrollo de la enfermedad (Kombade y Kaur, 2021).

La SPI-1 posee más de 40 Kb, y codifica un sistema de secreción tipo III (T3SS) indespensable para la invasión del epitelio intestinal (Lou et al., 2019). Los T3SS constituyen una de las maquinarias más importantes de patógenos intracelulares, puesto que facilita la translocación directa de proteínas de virulencia desde el citoplasma bacteriano hacia el interior de la célula huésped, razón por la cual tambien se conocen como inyectosomas o agujas moleculares (Lerminiaux et al., 2020). Los T3SS no son exclusivas de *Salmonella* spp., sino que se encuentran en numerosas bacterias Gram negativas tales como *Shigella* spp., *E. coli, Yersinia* spp. o *Pseudomonas* spp. (Kombade y Kaur, 2021). La SPI-1 genera dos subconjuntos de proteínas efectoras, en las que el primer subconjunto media la invasión a través de la alteración del sistema citoesquelético activo de la célula huésped, mientras que el segundo subconjunto está relacionado con la enteropatogénesis y la inflamación de las células del epitelio intestinal (Lerminiaux et al., 2020).

La SPI-2 posee alrededor de 40 Kb, y codifica un segundo T3SS esencial para la supervivencia dentro del macrófago y para el establecimiento de una infección sistémica. A diferencia del T3SS de la SPI-1, la T3SS de la SPI-2 es exclusiva de *Salmonella* spp. (Alghoribi et al., 2019). La función de este T3SS es esencial para la formación y el mantenimiento de la vacuola contenedora de *Salmonella* (SCV), que actúa como un nicho intracelular donde la bacteria puede sobrevivir y replicarse. Al igual que su homólogo de la SPI-1, esta T3SS transloca proteínas

a través de la membrana del SCV hacia el citosol de los macrófagos. Con la ayuda de estas proteínas translocadas, *Salmonella* puede evadir la muerte intracelular alterando la membrana del fagosoma por arreglo de los microtúbulos (Pico-Rodríguez et al., 2023). Las proteínas codificadas por la T3SS de la SPI-2 se discute más adelante.

La SPI-3 posee un tamaño de 36 Kb y está insertado dentro del locus del gen *selC*. El principal determinante de virulencia conocido en esta isla es el operón *mgtCB* (sistema transportador de magnesio): *misL* y *marT*. Esta SPI es necesaria para la supervivencia de *Salmonella* en el hábitat intrafagosómico en condiciones de privación nutricional (Eran et al., 2020). Por otro lado, la SPI-4 posee un tamaño de 24 Kb y está compuesta por los genes *siiA-F*, importantes en la formación del sistema de secreción tipo I (T1SS) la cual secreta la proteína SiiE importante en la colonización intestinal, además de suponer un papel importante en la supervivencia dentro del macrófago, similar a la SPI-2 (Fábrega y Vila, 2013). Por su parte, la SPI-5 presenta un tamaño pequeño cercano a los 7 Kb y codifica las proteínas efectoras para el T3SS codificado tanto por SPI-1 como por SPI-2, además de las proteínas PipA-D y SopB implicados en el desarrollo de infección sistémica y diarrea acuosa, respectivamente (Liu et al., 2023).

La SPI-9 presenta un tamaño aproximado de 16 Kb, y fue detectado por primera vez en *S.* Typhi codificando factores de virulencia relacionado al T1SS (Velásquez et al., 2016); mientras que las SPI-13 y SPI-14 se identificaron por primera vez en *S.* Gallinarum y se relacionó a infecciones en aves, aunque luego fueron detectadas en otras serovariedades como *S.* Typhimurium y *S.* Enteritidis. Estas dos últimas no han sido encontradas en *Salmonella* tifoidea, por lo que se presume ser importantes en la especificidad del hospedero, aunque las proteínas que codifican cada una de ellas aún no se conocen con totalidad, requiriendo mayor estudio molecular (Kombade y Kaur, 2021).

Los T3SS representan el grupo más importante de factores de virulencia debido a su papel esencial en la interacción entre *Salmonella* y las células del hospedador (Lerminiaux et al., 2020), lo cual explica el motivo por el cual todos los secuenciotipos analizados lo presentan dentro de su genoma (Figuras 13 y 14). Tal y como se discutió previamente, la bacteria posee dos T3SS codificadas por las SPI-1 (T3SS-1) y SPI-2 (T3SS-2), y aunque sintetizan proteínas totalmente diferentes, sus funciones son análogas (Alghoribi et al., 2019). El

cuerpo basal de la T3SS-1 está compuesto por *PrgH, PrgI, PrgJ, PrgK* e *InvG*, mientras que la de la T3SS-2 está compuesta por *SsaC, SsaD, SsaG, SsaI* y *SsaJ*. El aparato exportador de la T3SS-1 lo componen *SpaP, SpaQ, SpaR, SpaS* e *InvA*, mientras que en la T3SS-2 son *SsaR, SsaS, SsaT, SsaU* y *SsaV*. El anillo citoplasmático de la T3SS-1 lo compone *SpaO*, mientras que la de la T3SS-2 lo compone *SsaQ*. Por otro lado, el complejo ATPasa de la T3SS-1 está dado por *InvC* y *OrgB*, mientras que en la T3SS-2 por *SsaN* y *SsaK*. Finalmente, los translocadores de la T3SS-1 son *SipB, SipC* y *SipD*, mientras que en la T3SS-2 son *SseB, SseC* y *SseD* (Dos Santos et al., 2020).

Por otro lado, *Salmonella* también puede poseer genes que codifican para un sistema de secreción tipo 6 (T6SS) que permite la secreción de diversas toxinas para prevenir la fagocitosis o facilitar la invasión, pero además están involucradas en la secreción de compuestos antimicrobianos y bacteriocinas, siendo en ese sentido más versátil que el T3SS (Alcoforado Diniz et al., 2015). El T6SS constituye un complejo de diversas proteínas formado por un tubo interno hecho de hexámeros de la proteína *Hcp*, la estructura en forma de jeringa por la proteína *VgrG*, una vaina que envuelve todo el complejo compuesto por subunidades polimerizadas *TssB* y *TssC*, y una ATPasa formada por la proteína *ClpV* (Sana et al., 2016). Además, dos efectores del T6SS también están codificados en la misma región genómica que codifica al complejo multiproteico, siendo estos *Tae4* y *Tlde1*, los cuales poseen actividad antibacteriana envuelta en la degradación del peptidoglucano (Sibinelli-Sousa et al., 2020). Uno de los aspectos más resaltantes en los genomas de este trabajo es la ausencia de casi todos los genes que codifican la T6SS en *S.* Enteritidis. Esta diferencia no es exclusiva de las cepas peruanas, sino que es un patrón constante en este serovar, el cual parece haber perdido todo el conjunto de genes producto de la evolución (Blondel et al., 2010).

Otros factores de virulencia importantes para *Salmonella* son las adhesinas fimbriales. El término fimbria se utiliza preferentemente para nominar al aparato filamentoso no flagelar, compuesto por apéndices extracelulares que participan en la adhesión y otras funciones como la interacción con macrófagos, la formación de biopelículas, la persistencia intestinal y la agregación bacteriana (Wagner y Hensel, 2011). Algunas fimbrias se limitan a algunos serovares específicos, y pueden desempeñar funciones específicas que no requieren otros

serovares. Por ejemplo, el operón *pefABCD* esta codificado por un plásmido de virulencia presente únicamente en serovares como *S.* Enteritidis y *S.* Typhimurium (Hurtado-Escobar et al., 2019), lo cual explica la marcada diferencia observada de dichos serotipos con respecto a los otros estudiados en este trabajo. Por otro lado, se señala que el operón *lpfABCDE* se ha perdido en muchos linajes por consecuencia de la evolución, por lo que explicar su distribución basada en filogenia puede ser compleja (Bäumler et al., 1997). En contraste, se señala que el *shdA* es exclusivo los serovares de *Salmonella enterica* subsp. *enterica* (Kingsley et al., 2000), aunque según lo observado en este trabajo, este gen no está presente de manera uniforme en cada serotipo de *Salmonella*. Un estudio realizado en Ecuador corrobora la presencia de dicho gen en *S.* Infantis, así como su ausencia en otros serovares de alta prevalencia como *S.* Enteritidis (Vinueza-Burgos et al., 2023). Finalmente, la ausencia de *ratB* en algunos serovares como *S.* Mbandaka ya ha sido reportada (Hayward et al., 2013), por lo que los resultados de este estudio van acordes a la mayoría de estudios publicados previamente.

La exotoxina *spvB* constituye otros de los factores de virulencia importantes para *Salmonella* no tifoidea, el cual, al ser codificado por diversos plásmidos, presenta una distribución diferente al comparar cada serovar (Derakhshandeh et al., 2013). Una situación similar es la observada por el gen inducible por macrófago *mig-5*, tambien codificado por plásmidos, y cuya distribución tambien se limita a ciertos serovares (Rychlik et al., 2006). Asimismo, el gen de la resistencia a la lisis por complemento *rck* parece ser exclusivo de *S.* Enteritidis y *S.* Typhimurium, tal y como ha sido descrito previamente (Rosselin et al., 2010). Todos estos antecedentes van acordes a lo observado en este estudio, sin encontrarse mayores incongruencias en dicho aspecto.

Como se puede ver, una proporción significativa de los genes responsables de los factores de virulencia en *Salmonella enterica* se encuentra codificada en elementos plasmídicos. Los plásmidos bacterianos son porciones de material genético extracromosómico autorreplicantes, con un tamaño que varía desde unos pocos hasta varios cientos de pares de kilobases (Khajanchi et al., 2017). Además de la virulencia, estos se ven implicados en la resistencia a moléculas como los antibióticos y metales pesados, así como en la producción de toxinas

y otros factores involucrados en la adaptación bacteriana a entornos cambiantes (Lindsey et al., 2009).

6.5. Plásmidos, otros elementos genéticos móviles y resistoma de *S. enterica* no tifoidea circulantes en Perú

Los plásmidos suelen clasificarse según sus tipos de incompatibilidad (Inc), que se fundamentan en la incapacidad de dos plásmidos con mecanismos de replicación similares para coexistir en la misma célula. En otras palabras, en una cepa bacteriana no pueden coexistir diferentes plásmidos del mismo tipo de incompatibilidad (Foley et al., 2021). Se han descrito alrededor de 26 plásmidos de incompatibilidad para las enterobacterias como *Salmonella enterica*, y aunque ninguno de ellos es exclusivo a nivel de especie, los serotipos de *Salmonella* difieren en la frecuencia de los plásmidos que contienen, y pueden surgir nuevos plásmidos dentro de cualquier serotipo. Si bien es más probable que algunos serotipos contengan ciertos plásmidos que otros, estos plásmidos pueden existir en cualquier serotipo, y ningún grupo de incompatibilidad se limita a un solo serotipo (McMillan et a., 2020).

Uno de estos grupos de plásmidos que contribuyen a la virulencia de *Salmonella* son los plásmidos IncFIB, que están relacionados con el plásmido ColV, y se encuentran asociados a varios serovares como S. Kentucky, S. Typhimurium, S. Heidelberg y S. Schwarzengrund (Khajanchi et al., 2017; Khajanchi y Foley, 2022). Por otro lado, los plásmidos IncFII representan otros plásmidos relevantes en *Salmonella*, siendo asociados tanto a la virulencia como a la resistencia antimicrobiana de diversos serovares como S. Typhimurium y S. Dublin (Casaux et al., 2023, Zeng et al., 2023). Los plásmidos más frecuentemente reportados para *Salmonella enterica* no tifoidea lo constituyen IncFIB(S) y IncFII(S) (Chen et al., 2022), siendo mayormente asociados a los serovares S. Enteritidis y S. Typhimurium (Kgoale et al., 2023), un patrón que se mantiene para las cepas peruanas analizadas en este trabajo. Además, el plasmido IncFII(S) tambien ha sido reportado previamente para S. Newport (Commichaux et al., 2023), lo cual encaja con lo hallado en este estudio.

A raíz de la presencia de plásmidos tipo IncFIB e IncFII, se evaluó si ambas poseían una estructura genética similar o diferente entre cepas de diferente ST a los que fueron asociados. Mediante genómica comparativa, se observó que existían diferencias notables que señalaban una estructura genética particular

ligada a cada ST asociado, un resultado similar a lo reportado previamente (Worley et al., 2018; Casaux et al., 2023). El mayor interés de analizar a detalle la estructura plasmídica de los plásmidos IncFIB e IncFII estaba ligado a evidencia de investigaciones previas que los relacionaban a la resistencia a los antimicrobianos de algunos serovares de *Salmonella enterica* (Casaux et al., 2023; Zeng et al., 2023); sin embargo, todos los plásmidos tipo IncF de cepas peruanas analizados en este trabajo carecen de dichas regiones involucradas en la resistencia antimicrobiana. A pesar de ello, es necesario enfatizar que estos plásmidos tienen el potencial de recombinar y adquirir estos determinantes a futuro.

En contraste, desde el incremento de la incidencia de S. Infantis se ha descrito la presencia de un plásmido conjugativo de gran tamaño en aislados multidrogorresistentes (MDR), y sugirieron que este plásmido, denominado ahora como pESI (plasmido de S. Infantis emergente), desempeñó un papel crucial en la diseminación de este serovar a nivel global (Nógrády et al., 2012). El primer plásmido pESI descrito presentaba los genes de resistencia a la tetraciclina, sulfametoxazol, trimetoprima, así como tolerancia al estrés oxidativo y al mercurio ambiental (Aviv et al., 2014). Años después, se reportaron plásmidos con características similares al plásmido pESI (pESI-like) en cepas MDR de S. Infantis en diversos países, con un conjunto de genes mayor que ampliaba el espectro de resistencia antimicrobiana a otros grupos de antibióticos (Tate et al., 2017). En los aislados de S. Infantis analizados en este trabajo, la mayor parte de las cepas presentaron el origen de replicación *RepB* del plásmido pESI-like, por lo que fue necesario realizar un análisis minucioso de su composición genética.

El análisis total de las cepas peruanas empleando la información fenotípica reveló que la mayor parte de aislados MDR pertenecen a S. Infantis, lo cual contrastado con la información genotípica confirmó que el origen de la mayor parte de esa resistencia era plasmídico, tal y como fue descrito previamente (Aviv et al., 2014; Tate et al., 2017), y al igual que lo ocurrido en otros países de Norteamérica y Europa (Lee et al., 2021), permitió a S. Infantis incrementar su incidencia a nivel local. Sin embargo, un hecho que no pasó desapercibido es que no todas las cepas peruanas de este serovar presentaron el mismo perfil de resistencia genotípico, sino que se presentaban dos perfiles bien definidos,

denominados en este trabajo como A (poseedor de los genes plasmídicos *aph(3')-Ia, ant(3'')-Ia, dfrA14, sul1* y *tetA*) y B (poseedor, además de los ya mencionados, a los genes plasmídicos *aph(4)-Ia, aac(3)-Iva, blaCTX-M-65, floR* y *fosA3*). Para entender donde se encontraban las diferencias, se realizó un mapeo genómico, encontrando dos regiones que eran divergentes a la referencia empleada. Estas regiones fueron denominadas como sitios 1 y 2 basados en estudios previos (Tate et al., 2017) que señalan dichas regiones como los sitios principales donde se integran elementos genéticos móviles involucrados en la resistencia antimicrobiana. Gracias a este análisis, fue posible concluir que en Perú circulan dos cepas de S. Infantis: la primera, semejante a la reportada por Aviv et al. (2014), con un espectro de resistencia antimicrobiana reducido; y la segunda, similar a la descrita por Tate et al. (2017), con un espectro de acción amplio que abarca múltiples familias de antimicrobianos.

Otro de los elementos genéticos móviles importantes en *Salmonella enterica* lo constituyen los profagos, los cuales son porciones de ADN de origen viral integrado al genoma bacteriano, las cuales se reportan de manera recurrente y múltiple en cepas de esta bacteria (Trofeit et al., 2023). Tradicionalmente, se señala que los profagos son un importante motor evolutivo, puesto que pueden facilitar la transferencia de genes asociados a la resistencia y virulencia que influyen en la aptitud ecológica, la fisiología, la diversidad, la evolución y la patogenicidad de las cepas de *Salmonella* infectadas (Andrews et al., 2024). Sin embargo, se conoce muy poco sobre la mayoría de ellos y su contribución potencial con la virulencia bacteriana, puesto que la mayoría de estudios se centran en el análisis de serovares altamente frecuentes, como *S. Enteritidis* o *S. Typhimurium* (Wahl et al., 2019). Debido a ello, se decidió analizar únicamente los profagos completos detectados en las cepas peruanas, puesto que son de los que se dispone una mayor cantidad de información sobre su rol en la patogenicidad microbiana (Andrews et al., 2024). Si bien se encontró una alta diversidad de profagos en los genomas analizados, sólo un pequeño grupo parece indicar patrones evolutivamente importantes de transferencia horizontal asociado a los secuenciotipos de *Salmonella enterica*, tales como Gifsy-1, Gifsy-2 y Fels-1, lo cual se ajusta a las descripciones realizadas previamente (Switt et al., 2015; Worley et al., 2018). Se conoce que múltiples genes involucrados en la virulencia de *Salmonela enterica* como *phoQ* y *phoP* son transportadas por

profagos como Gifsy-2 y Fels-1 (Ilyas et al., 2017), lo cual sería una potencial explicación a cómo fue que ciertos serovares adquirieron estos marcadores de virulencia, tales como *S*. Typhimurium.

6.6. Pangenoma y genómica comparativa de *S. enterica* no tifoidea circulante en Perú

Los genes codificantes de *S. enterica* no tifoidea fueron agrupadas en múltiples categorías funcionales de acuerdo al COG, siendo las más frecuentes las relacionadas al metabolismo de carbohidratos y aminoácidos, transcripción, y biogénesis de pared celular y membrana. Al respecto, otros autores que anotaron genomas de *S. enterica* de diversos serotipos y los clasificaron de acuerdo al COG reportaron categorías similares. Vaid et al. (2021) indicaron que el mayor número de genes de S. Gallinarum estuvieron relacionados a la transcripción, metabolismo de aminoácidos, metabolismo energético, y biogénesis de pared celular; Zhang et al. (2021) indicaron que la mayor parte de genes codificantes de S. Wandsword se agrupaban dentro de las categorías de funciones generales, así como tambien al metabolismo de aminoácidos y carbohidratos; mientras que Gupta et al. (2019) determinó al analizar genomas de diversos serotipos de *S. enterica* que los grupos funcionales más frecuentes en esta bacteria corresponden a metabolismo de aminoácidos y carbohidratos, así como a la transcripción. Este trabajo y los realizados por otros investigadores denotan claramente una abundancia de genes asociados al metabolismo de aminoácidos y carbohidratos, así como a la transcripción, los cuales respaldarían la diversidad, singularidad y complejas redes reguladores transcripcionales observadas en los diferentes serotipos (Dilucca et al., 2018).

La cantidad de genes que conforman el genoma central al analizar todos los STs (2696) o los cinco más frecuentes (3787) en este trabajo poseen un valor semejante a lo obtenido en estudios previos tales como el de Fu et al. (2015), quienes obtuvieron un genoma central de 3846 genes al analizar *S.* Typhimurium de años y orígenes diferentes, el de Sodagari et al. (2021), quienes hallaron un genoma central de 3980 genes al analizar a *S.* Infantis y *S.* Typhimurium recuperados en Australia, o el de Yuan et al. (2022), quienes calcularon un genoma central de 3886 analizando a *S.* Typhimurium de diversos orígenes y STs. El genoma central de *Salmonella enterica* no tifoidea parece ser muy estable, el cual no presenta amplias fluctuaciones numéricas al analizar

conjuntos pequeños y grandes de datos, cepas de diferentes orígenes, serotipos y/o STs. En contraste, el número de genes accesorios totales al analizar todos los STs o los cinco más frecuentes en Perú poseen valores muy dispares a lo obtenidos en algunos trabajos tales como el de Leekitcharoenphon et al. (2012), obteniendo un total de 7699 genes accesorios para un conjunto de cepas de diferentes serotipos y STs, el de Fenske et al. (2019), quienes hallaron un genoma accesorio de 5533 genes al analizar genomas de S. Dublin de diversos orígenes y años de aislamiento, o el de Vaid et al. (2021), quienes calcularon un genoma accesorio de 1821 analizando cepas de S. Gallinarum y S. Enteritidis. Sin bien existe una gran diferencia entre los valores del genoma accesorio de los estudios revisados, la alta similitud de los valores del genoma central, independientemente del origen, año, serotipo o metodología empleada, revelan que *S. enterica* presenta un pangenoma relativamente grande, comparado con otros géneros bacterianos como *E. coli* y *Klebsiella*, lo que refleja que *Salmonella enterica* presente un pangenoma menos abierto que los otros géneros de la familia Enterobacteriaceae (Jacobsen et al., 2011).

Al analizar los 5 STs más frecuentes, se encontró un alto y particular número de genes accesorios que se asociaban específicamente a cada uno de los serotipos evaluados. Entre ellos, se destacan un número importante de genes exclusivos involucrados en el metabolismo de carbohidratos, así como genes relacionados con la replicación, recombinación y reparación del ADN, muchos de ellos presumiblemente codificados por plásmidos y profagos. La abundancia de estas categorías funcionales en el genoma accesorio demostraría que estos genes se adquirieron para una mejor adaptabilidad y diversidad de los serotipos (Dilucca et al., 2018). Muchos de estos marcadores exclusivos fueron detectados en varios de los procedimientos anteriores a la genómica comparativa, corroborando su presencia específica ligada a los serovares, los cuales podría ser empleados como marcadores genéticos para la identificación específica de serovares (Yang et al., 2020). Finalmente, una importante cantidad de secuencias codificantes exclusivas no pudieron ser asignadas a ninguna proteína conocida, señalándose como hipotéticas. Esto revela que a pesar que *S. enterica* es una bacteria patógena que se conoce hace muchísimo tiempo, aun presenta una gran cantidad de incógnitas que necesitan ser revisadas y analizadas de manera experimental (Vicente et al., 2024).

VII. CONCLUSIONES

1. Se describe por primera la dinámica de los serovares circulantes de *Salmonella* no tifoidea en el Perú entre 1998-2018, revelando la dominancia temporal de casos causados por *S.* enteritidis y *S.* Typhimurium a lo largo del periodo de estudio, así como la emergencia de *S.* Infantis en años recientes.
2. Se reporta la circulación paralela de 40 secuenciotipos (STs) diferentes de *Salmonella* no tifoidea en el país, siendo aquellos que presentaron una mayor frecuencia: *S.* Infantis ST-32, *S.* Enteritidis ST-11, *S.* Typhimurium ST-19, *S.* Newport ST-31 y *S.* Mbandaka ST-413, clones que tambien han sido reportados con una alta frecuencia por diversos países a nivel mundial.
3. Se detectó una mayor cantidad de genes involucrados en la virulencia microbiana en los cinco STs de alta frecuencia en el Perú, los que incrementan su capacidad para adaptarse a diferentes ambientes, ampliar su rango de hospederos y evadir el sistema inmune.
4. La mayor parte de cepas resistentes a los antimicrobianos en el periodo de tiempo estudiado pertenecieron a S. Infantis ST-32, debido a que poseían un megaplásmido con determinantes genéticos de resistencia a siete o más familias de antimicrobianos.
5. Los cinco STs de alta frecuencia de *Salmonella* no tifoidea circulantes en el país presentan diferentes patrones genéticos de virulencia a nivel cromosómico y extracromosómico, encontrándose plásmidos de virulencia y resistencia, así como profagos y otros elementos genéticos móviles exclusivos de cada uno de ellos.
6. La persistencia de estos clones de *Salmonella* no tifoidea durante el período evaluado señala que las condiciones sanitarias en el Perú no han cambiado en los últimos años.

VIII. RECOMENDACIONES

1. Mantener e intensificar la vigilancia epidemiológica molecular de los serovares y secuenciotipos (STs) de *Salmonella* no tifoidea de origen clínico circulantes en el país.
2. Fortalecer el sistema de salud para incrementar el diagnostico de etiologías diarreicas bacterianas a través de técnicas como el coprocultivo, para obtener una mejor representatividad de los serovares y STs circulantes en los departamentos con bajos recursos económicos.
3. Incrementar los estudios de caracterización genómica y molecular de cepas de *Salmonella* no tifoidea recuperadas de diversas fuentes animales que actúen como reservorios de los diferentes serovares, así como aquellas recuperadas de alimentos contaminados y medio ambiente.
4. Contrastar la dinámica epidemiológica de las cepas circulantes de *Salmonella* no tifoidea antes y después de la pandemia por COVID-19, con el fin de conocer si esta tuvo algún impacto en la dinámica de los serovares con mayor frecuencia en el país.
5. Aplicar secuenciación por nanoporos para cerrar genomas y plásmidos de virulencia y resistencia de *Salmonella* no tifoidea de los principales serovares y STs circulantes en la región.

9. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abuaita BH, Lawrence AE, Berger RP, Hill DR, Huang S, Yadagiri VK, Bons B, Fields C, Wobus CE, Spence JR, Young VB, et al. 2021. Comparative transcriptional profiling of the early host response to infection by typhoidal and non-typhoidal *Salmonella* serovars in human intestinal organoids. PLoS pathogens. 17(10): e1009987. https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1009987

Achtman M, Wain J, Weill FX, Nair S, Zhou Z, Sangal V, Krauland MG, Hale JL, Harbottle H, Uesbeck A, et al. 2012. Multilocus sequence typing as a replacement for serotyping in *Salmonella enterica*. PLoS pathogens. 8(6): e1002776. https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1002776

Alcoforado Diniz J, Liu YC, & Coulthurst SJ. 2015. Molecular weaponry: diverse effectors delivered by the Type VI secretion system. Cellular microbiology. 17(12): 1742–1751. https://doi.org/10.1111/cmi.12532

Alessiani A, Goffredo E, Mancini M, Occhiochiuso G, Faleo S, Didonna A, Fischetto R, Suglia F, De Vito D, Stallone A, et al. 2022. Evaluation of Antimicrobial Resistance in *Salmonella* Strains Isolated from Food Animal and Human Samples between 2017 and 2021 in Southern Italy. Microorganisms. 10(4): 812. https://doi.org/10.3390/microorganisms10040812

Alghoribi MF, Doumith M, Upton M, Al Johani SM, Alzayer M, Woodford N, Ellington MJ, Balkhy HH. 2019. Complete Genome Sequence of a Colistin-Resistant Uropathogenic Escherichia coli Sequence Type 131 fimH22 Strain Harboring mcr-1 on an IncHI2 Plasmid Isolated in Riyadh, Saudi Arabia. Microbiology resource announcements. 8(18): e00104-19. https://doi.org/10.1128/MRA.00104-19

Alikhan NF, Petty NK, Ben Zakour NL, Beatson SA. 2011. BLAST Ring Image Generator (BRIG): simple prokaryote genome comparisons. BMC genomics. 12: 402. https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-402

Alikhan NF, Zhou Z, Sergeant MJ, Achtman M. 2018. A genomic overview of the population structure of *Salmonella*. PLoS genetics. 14(4): e1007261. https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1007261

Aljahdali NH, Khajanchi BK, Weston K, Deck J, Cox J, Singh R, Gilbert J, Sanad YM, Han J, Nayak R, et al. 2020. Genotypic and Phenotypic Characterization of Incompatibility Group FIB Positive *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium Isolates from Food Animal Sources. Genes. 11(11): 1307. https://doi.org/10.3390/genes11111307

Almeida F, Seribelli AA, Medeiros M, Rodrigues D, de Mello Varani A, Luo Y, Allard MW, Falcão JP. 2018. Phylogenetic and antimicrobial resistance gene analysis of *Salmonella* Typhimurium strains isolated in Brazil by whole genome sequencing. PloS one. 13(8): e0201882. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0201882

Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ. 1990. Basic local alignment search tool. Journal of molecular biology. 215(3): 403–410. https://doi.org/10.1016/S0022-2836(05)80360-2

Alba P, Leekitcharoenphon P, Carfora V, Amoruso R, Cordaro G, Di Matteo P, Ianzano A, Iurescia M, Diaconu EL, Study Group EN, Pedersen SK, Guerra B, Hendriksen RS, Franco A, Battisti A. 2020. Molecular epidemiology of *Salmonella* Infantis in Europe: insights into the success of the bacterial host and its parasitic pESI-like megaplasmid. Microbial genomics. 6(5): e000365. https://doi.org/10.1099/mgen.0.000365

Alvarez DM, Barrón-Montenegro R, Conejeros J, Rivera D, Undurraga EA, Moreno-Switt AI. 2023. A review of the global emergence of multidrug-resistant *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Serovar Infantis. International journal of food microbiology, 403: 110297. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110297

Andesfha E, Indrawati A, Mayasari NLPI, Rahayuningtyas I, Jusa I. 2019. Detection of *Salmonella* pathogenicity island and *Salmonella* plasmid virulence genes in *Salmonella* Enteritidis originated from layer and broiler farms in Java Island. Journal of advanced veterinary and animal research. 6(3): 384-393. https://doi.org/10.5455/javar.2019.f358

Andrews K, Landeryou T, Sicheritz-Pontén T, Nale JY. 2024. Diverse Prophage Elements of *Salmonella enterica* Serovars Show Potential Roles in Bacterial Pathogenicity. Cells. 13(6): 514. https://doi.org/10.3390/cells13060514

Andrews S. 2010. FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data. [citado 27 de mayo de 2022]. Disponible en: http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc

Antony L, Behr M, Sockett D, Miskimins D, Aulik N, Christopher-Hennings J, Nelson E, Allard MW, Scaria J. 2018. Genome divergence and increased virulence of outbreak associated *Salmonella enterica* subspecies *enterica* serovar Heidelberg. Gut pathogens. 10: 53. https://doi.org/10.1186/s13099-018-0279-0

Antony L, Fenske G, Kaushik RS, Nagaraja TG, Thomas M, Scaria J. 2020. Population structure of *Salmonella enterica* serotype Mbandaka reveals similar virulence potential irrespective of source and phylogenomic stratification. F1000Research. 9: 1142. https://doi.org/10.12688/f1000research.25540.1

Antunes P, Campos J, Mourão J, Pereira J, Novais C, Peixe L. 2018. Inflow water is a major source of trout farming contamination with *Salmonella* and multidrug resistant bacteria. The Science of the total environment. 642: 1163–1171. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.06.143

Arai N, Sekizuka T, Tamamura Y, Kusumoto M, Hinenoya A, Yamasaki S, Iwata T, Watanabe-Yanai A, Kuroda M, Akiba M. 2019. *Salmonella* Genomic Island 3 Is an Integrative and Conjugative Element and Contributes to Copper and Arsenic Tolerance of *Salmonella enterica*. Antimicrobial agents and chemotherapy. 63(9): e00429-19. https://doi.org/10.1128/AAC.00429-19

Aravena C, Valencia B, Villegas A, Ortega M, Fernández A, Araya P, Saavedra A, Del Campo R. 2019. Caracterización de cepas clínicas y ambientales de *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Heidelberg aisladas en Chile. Revista médica de Chile. 147(1): 24-33. http://dx.doi.org/10.4067/S0034-98872019000100024

Arndt D, Grant JR, Marcu A, Sajed T, Pon A, Liang Y, Wishart DS. 2016. PHASTER: a better, faster version of the PHAST phage search tool. Nucleic acids research. 44(W1): W16–W21. https://doi.org/10.1093/nar/gkw387

Argimón S, Abudahab K, Goater R, Fedosejev A, Bhai J, Glasner C, Feil EJ, Holden M, Yeats CA, Grundmann H, et al. 2016. Microreact: visualizing and sharing data for genomic epidemiology and phylogeography. Microbial genomics. 2(11): e000093. https://doi.org/10.1099/mgen.0.000093

Argüello H, Guerra B, Rodríguez I, Rubio P, Carvajal A. 2018. Characterization of Antimicrobial Resistance Determinants and Class 1 and Class 2 Integrons in *Salmonella enterica* spp. Multidrug-Resistant Isolates from Pigs. Genes. 9(5): 256. https://doi.org/10.3390/genes9050256

Arias I, Zamudio ML, Luna MA, Valenzuela A, Segovia E, Villanueva E, Cáceres OA. 2008. Uso de PFGE en la investigación de brote por *Salmonella* Enteritidis en la localidad de Inahuaya, región Loreto. 2006 Perú Boletín del Instituto Nacional de Salud (Perú). 14(9-10): 197-198.

Aung KT, Chen HJ, Chau ML, Yap G, Lim XF, Humaidi M, Chua C, Yeo G, Yap HM, Oh JQ, et al. 2019. *Salmonella* in Retail Food and Wild Birds in Singapore-Prevalence, Antimicrobial Resistance, and Sequence Types. International journal of environmental research and public health. 16(21): 4235. https://doi.org/10.3390/ijerph16214235

Aung KT, Khor WC, Ong KH, Tan WL, Wong ZN, Oh JQ, Wong WK, Tan BZY, Maiwald M, Tee NWS, et al. 2022. Characterisation of *Salmonella* Enteritidis ST11 and ST1925 Associated with Human Intestinal and Extra-Intestinal Infections in Singapore. International journal of environmental research and public health. 19(9): 5671. https://doi.org/10.3390/ijerph19095671

Aviv G, Tsyba K, Steck N, Salmon-Divon M, Cornelius A, Rahav G, Grassl GA, Gal-Mor O. 2014. A unique megaplasmid contributes to stress tolerance and pathogenicity of an emergent *Salmonella enterica* serovar Infantis strain. Environmental microbiology. 16(4): 977–994. https://doi.org/10.1111/1462-2920.12351

Banerji S, Simon S, Tille A, Fruth A, Flieger A. 2020. Genome-based *Salmonella* serotyping as the new gold standard. Scientific reports. 10(1): 4333. https://doi.org/10.1038/s41598-020-61254-1

Bäumler AJ, Gilde AJ, Tsolis RM, van der Velden AW, Ahmer BM, & Heffron F. 1997. Contribution of horizontal gene transfer and deletion events to development of distinctive patterns of fimbrial operons during evolution of *Salmonella* serotypes. Journal of bacteriology. 179(2): 317–322. https://doi.org/10.1128/jb.179.2.317-322.1997

Bertani AMJ, Cunha MPV, de Carvalho E, Araújo LT, Dos Santos CA, Amarante AF, Reis AD, de Almeida EA, Campos KR, Sacchi CT, et al. 2022. Genomic characterization of a multi-drug resistant, CTX-M-65-producing clinical isolate of *Salmonella* Infantis isolated in Brazil. Microbes and infection. 24(5): 104972. https://doi.org/10.1016/j.micinf.2022.104972

Bharat A, Petkau A, Avery BP, Chen JC, Folster JP, Carson CA, Kearney A, Nadon C, Mabon P, Thiessen J, et al. 2022. Correlation between Phenotypic and In Silico Detection of Antimicrobial Resistance in *Salmonella enterica* in Canada Using Staramr. Microorganisms. 10(2): 292. https://doi.org/10.3390/microorganisms10020292

Bhatta DR, Bangtrakulnonth A, Tishyadhigama P, Saroj SD, Bandekar JR, Hendriksen RS, Kapadnis BP. 2007. Serotyping, PCR, phage-typing and antibiotic sensitivity testing of *Salmonella* serovars isolated from urban drinking water supply systems of Nepal. Letters in applied microbiology. 44(6): 588–594. https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2007.02133.x

Blondel CJ, Yang HJ, Castro B, Chiang S, Toro CS, Zaldívar M, Contreras I, Andrews-Polymenis HL, & Santiviago CA. 2010. Contribution of the type VI secretion system encoded in SPI-19 to chicken colonization by *Salmonella enterica* serotypes Gallinarum and Enteritidis. PloS one. 5(7): e11724. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0011724

Branchu P, Bawn M, Kingsley RA. 2018. Genome Variation and Molecular Epidemiology of *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium Pathovariants. Infection and immunity. 86(8): e00079-18. https://doi.org/10.1128/IAI.00079-18

Brenner DJ, Krieg NR, Staley JR. 2007. Bergey's Manual of Systematic Bacteriology: Volume 2: The Proteobacteria, Part B: The Gammaproteobacteria. Springer Science & Business Media.

Brown EW, Bell R, Zhang G, Timme R, Zheng J, Hammack TS, Allard MW. 2021. *Salmonella* Genomics in Public Health and Food Safety. EcoSal Plus. 9(2): eESP00082020. https://doi.org/10.1128/ecosalplus.ESP-0008-2020

Campioni F, Cao G, Kastanis G, Janies DA, Bergamini AMM, Rodrigues DDP, Stones R, Brown E, Allard MW, Falcão JP. 2018. Changing of the Genomic Pattern of *Salmonella* Enteritidis Strains Isolated in Brazil Over a 48 year-period revealed by Whole Genome SNP Analyses. Scientific reports. 8(1): 10478. https://doi.org/10.1038/s41598-018-28844-6

Cao G, Meng J, Strain E, Stones R, Pettengill J, Zhao S, McDermott P, Brown E, Allard M. 2013. Phylogenetics and differentiation of *Salmonella* Newport lineages by whole genome sequencing. PloS one. 8(2): e55687. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0055687

Carattoli A, Hasman H. 2020. PlasmidFinder and In Silico pMLST: Identification and Typing of Plasmid Replicons in Whole-Genome Sequencing (WGS). Methods in molecular biology (Clifton, N.J.). 2075: 285–294. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9877-7_20

Carhuaricra Huaman DE, Luna Espinoza LR, Rodríguez Cueva CL, Duran Gonzales CG, Rosadio Alcántara, RH, Setubal J C, Maturrano Hernández L. 2022. Genomic Characterization of *Salmonella* Typhimurium Isolated from Guinea Pigs with Salmonellosis in Lima, Peru. Microorganisms. 10(9): 1726. https://doi.org/10.3390/microorganisms10091726

Carrasco-Escobedo EJ, Sánchez-Hurtado L, Carrasco-Lozano JG, Velásquez-Pomar J. 2013. Un brote de salmonelosis no tifoidea entre internos de medicina

en un hospital general. Revista De La Sociedad Peruana De Medicina Interna. 26(3): 104-109. https://doi.org/10.36393/spmi.v26i3.402

Casaux ML, D'Alessandro B, Vignoli R, Fraga M. 2023. Phenotypic and genotypic survey of antibiotic resistance in *Salmonella enterica* isolates from dairy farms in Uruguay. Frontiers in veterinary science. 10: 1055432. https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1055432

Castro-Vargas RE, Herrera-Sánchez MP, Rodríguez-Hernández R, Rondón-Barragán IS. 2020. Antibiotic resistance in *Salmonella* spp. isolated from poultry: A global overview. Veterinary world. 13(10): 2070–2084. https://doi.org/10.14202/vetworld.2020.2070-2084

Castro-Vargas RE, Herrera-Sánchez MP, Rondón-Barragán IS. 2021. Plasmid-Mediated Antibiotic Resistance and Class 1 Integron in *Salmonella* Heidelberg Isolated from Poultry Farms in Santander-Colombia. Brazilian Journal of Poultry Science. 23(4): eRBCA-2021-1460. https://doi.org/10.1590/1806-9061-2021-1460

Centeno S, Salvatierra G, Calle S. 2018. Detección de fenotipos de resistencia ACCSuT BLEE y AmpC en Cepas de *Salmonella enterica* aisladas de infecciones en animales. Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú. 29(2): 580-587. https://dx.doi.org/10.15381/rivep.v28i2.14491

Chattaway MA, Dallman TJ, Larkin L, Nair S, McCormick J, Mikhail A, Hartman H, Godbole G, Powell D, Day M, et al. 2019. The Transformation of Reference Microbiology Methods and Surveillance for *Salmonella* with the Use of Whole Genome Sequencing in England and Wales. Frontiers in public health. 7: 317. https://doi.org/10.3389/fpubh.2019.00317

Chen J, Ed-Dra A, Zhou H, Wu B, Zhang Y, Yue M. 2022. Antimicrobial resistance and genomic investigation of non-typhoidal *Salmonella* isolated from outpatients in Shaoxing city, China. Front Public Health. 10: 988317. https://doi.org/10.3389/fpubh.2022.988317

Chen L, Yang J, Yu J, Yao Z, Sun L, Shen Y, Jin Q. 2005. VFDB: a reference database for bacterial virulence factors. Nucleic acids research. 33 (Database issue) D325–D328. https://doi.org/10.1093/nar/gki008

Chero A, Rosadio R, Marcelo G, Díaz G, Jiménez R, Castro Y, Maturrano L. 2017. Identificación Molecular de *Salmonella* Typhimurium en Cuyes al Primer Parto mediante la Técnica de PCR Múltiple. Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú. 28(3): 679-686. http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v28.i3.13288

CLSI. 2020. Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. 30th ed. CLSI supplement 100. Wayne PA: Clinical and Laboratory Standards Institute [citado 27 de mayo de 2022]. Disponible en: https://www.nih.org.pk/wp-content/uploads/2021/02/CLSI-2020.pdf

Coil D, Jospin G, Darling AE. 2015. A5-miseq: an updated pipeline to assemble microbial genomes from Illumina MiSeq data. Bioinformatics (Oxford, England). 31(4): 587–589. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu661

Commichaux S, Rand H, Javkar K, Molloy EK, Pettengill JB, Pightling A, Hoffmann M, Pop M, Jayeola V, Foley S, Luo Y. 2023. Assessment of plasmids for relating the 2020 *Salmonella enterica* serovar Newport onion outbreak to farms implicated by the outbreak investigation. BMC genomics. 24(1): 165. https://doi.org/10.1186/s12864-023-09245-0

Cooper AL, Low AJ, Koziol AG, Thomas MC, Leclair D, Tamber S, Wong A, Blais BW, Carrillo CD, 2020. Systematic Evaluation of Whole Genome Sequence-Based Predictions of *Salmonella* Serotype and Antimicrobial Resistance. Frontiers in microbiology. 11: 549. https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00549

Cuypers WL, Jacobs J, Wong V, Klemm EJ, Deborggraeve S, Van Puyvelde S, 2018. Fluoroquinolone resistance in *Salmonella*: insights by whole-genome sequencing. Microbial genomics. 4(7): e000195. https://doi.org/10.1099/mgen.0.000195

Deblais L, Lorentz B, Scaria J, Nagaraja KV, Nisar M, Lauer D, Voss S, Rajashekara G. 2018. Comparative Genomic Studies of *Salmonella* Heidelberg

Isolated From Chicken- and Turkey-Associated Farm Environmental Samples. Frontiers in microbiology. 9: 1841. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.01841

Derakhshandeh A, Firouzi R, & Khoshbakht R. 2013. Association of Three Plasmid-Encoded spv Genes Among Different *Salmonella* Serotypes Isolated from Different Origins. Indian journal of microbiology. 53(1): 106–110. https://doi.org/10.1007/s12088-012-0316-5

Didelot X, Wilson DJ. 2015. ClonalFrameML: efficient inference of recombination in whole bacterial genomes. PLoS computational biology. 11(2): e1004041. https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1004041

Dilucca M, Cimini G, Giansanti A. 2018. Essentiality, conservation, evolutionary pressure and codon bias in bacterial genomes. Gene. 663: 178–188. https://doi.org/10.1016/j.gene.2018.04.017

Dominguez JE, Viñas MR, Herrera M, Moroni M, Gutkind GO, Mercado EC, Di Conza JA, Chacana PA. 2021. Molecular characterization and antimicrobial resistance profiles of *Salmonella* Heidelberg isolates from poultry. Zoonoses and public health. 68(4): 309–315. https://doi.org/10.1111/zph.12819

Dos Santos AMP, Ferrari RG, & Conte-Junior CA. 2020. Type three secretion system in *Salmonella* Typhimurium: the key to infection. Genes & genomics. 42(5): 495–506. https://doi.org/10.1007/s13258-020-00918-8

Elbediwi M, Pan H, Zhou X, Rankin SC, Schifferli DM, Yue M. 2021. Detection of mcr-9-harbouring ESBL-producing *Salmonella* Newport isolated from an outbreak in a large-animal teaching hospital in the USA. The Journal of antimicrobial chemotherapy. 76(4): 1107–1109. https://doi.org/10.1093/jac/dkaa544

European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control (EFSA and ECDC). 2018. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. EFSA journal. European Food Safety Authority. 16(12): e05500. https://doi.org/10.2903/j.efsa.2018.5500

Eurosurveillance editorial team. 2013. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2011 has been published. Euro surveillance: bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin. 18(15): 20449.

Eran Z, Akçelik M, Yazıcı BC, Özcengiz G, Akçelik N. 2020. Regulation of biofilm formation by marT in *Salmonella* Typhimurium. Molecular biology reports. 47(7): 5041-5050. https://doi.org/10.1007/s11033-020-05573-6

Eren AM, Esen ÖC, Quince C, Vineis JH, Morrison HG, Sogin ML, Delmont TO. 2015. Anvi'o: an advanced analysis and visualization platform for 'omics data. PeerJ. 3: e1319. https://doi.org/10.7717/peerj.1319

Fàbrega A, & Vila J. 2013. *Salmonella enterica* serovar Typhimurium skills to succeed in the host: virulence and regulation. Clinical microbiology reviews. 26(2): 308-341. https://doi.org/10.1128/CMR.00066-12

Fenske G J, Thachil A, McDonough PL, Glaser A, Scaria J. 2019. Geography Shapes the Population Genomics of *Salmonella enterica* Dublin. Genome biology and evolution. 11(8): 2220–2231. https://doi.org/10.1093/gbe/evz158

Florensa AF, Kaas RS, Clausen P, Aytan-Aktug D, Aarestrup FM. 2022. ResFinder - an open online resource for identification of antimicrobial resistance genes in next-generation sequencing data and prediction of phenotypes from genotypes. Microbial genomics. 8(1): 000748. https://doi.org/10.1099/mgen.0.000748

Foley SL, Kaldhone PR, Ricke SC, Han J. 2021. Incompatibility Group I1 (IncI1) Plasmids: Their Genetics, Biology, and Public Health Relevance. Microbiology and molecular biology reviews: MMBR. 85(2): e00031-20. https://doi.org/10.1128/MMBR.00031-20

Fu S, Octavia S, Tanaka MM, Sintchenko V, Lan R. 2015. Defining the Core Genome of *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium for Genomic Surveillance and Epidemiological Typing. Journal of clinical microbiology. 53(8): 2530–2538. https://doi.org/10.1128/JCM.03407-14

Garcia C, Hinostroza N, Astocondor L, Ochoa T, Jacobs J, For The Salmoiber Cyted Network. 2019. Characterization of ESBL-Producing *Salmonella enterica* Serovar Infantis Infection in Humans, Lima, Peru. The American journal of tropical medicine and hygiene. 101(4): 746–748. https://doi.org/10.4269/ajtmh.19-0213

García-Soto S, Abdel-Glil MY, Tomaso H, Linde J, Methner U. 2020. Emergence of Multidrug-Resistant *Salmonella enterica* Subspecies *enterica* Serovar Infantis of Multilocus Sequence Type 2283 in German Broiler Farms. Frontiers in microbiology. 11: 1741. https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01741

Gomes-Neto JC, Pavlovikj N, Cano C, Abdalhamid B, Al-Ghalith GA, Loy JD, Knights D, Iwen PC, Chavez BD, Benson AK. 2021. Heuristic and hierarchical-based population mining of *Salmonella enterica* lineage I pan-genomes as a platform to enhance food safety. Frontiers in Sustainable Food Systems. 5:725791. https://doi.org/10.3389/fsufs.2021.725791

Gong B, Li H, Feng Y, Zeng S, Zhuo Z, Luo J, Chen X, Li X. 2022. Prevalence, Serotype Distribution and Antimicrobial Resistance of Non-Typhoidal *Salmonella* in Hospitalized Patients in Conghua District of Guangzhou, China. Frontiers in cellular and infection microbiology. 12: 805384. https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.805384

González F, Araque M. 2013. Association of Transferable Quinolone Resistance Determinant qnrB19 with Extended-Spectrum β -Lactamases in *Salmonella* Give and *Salmonella* Heidelberg in Venezuela. International journal of microbiology. 2013: 628185. https://doi.org/10.1155/2013/628185

Granda A, Riveros M, Martínez-Puchol S, Ocampo K, Laureano-Adame L, Corujo A, Reyes I, Ruiz J, Ochoa TJ, 2019. Presence of extended-spectrum β-lactamase, CTX-M-65 in *Salmonella enterica* serovar Infantis isolated from children with diarrhea in Lima, Peru. The Pediatric Infectious Disease Journal. 14(4): 194-200. https://doi.org/10.1055/s-0039-1685502

Gu D, Wang Z, Tian Y, Kang X, Meng C, Chen X, Pan Z, Jiao X. 2020. Prevalence of *Salmonella* Isolates and Their Distribution Based on Whole-Genome

Sequence in a Chicken Slaughterhouse in Jiangsu, China. Frontiers in veterinary science. 7: 29. https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00029

Gurevich A, Saveliev V, Vyahhi N, Tesler G. 2013. QUAST: quality assessment tool for genome assemblies. Bioinformatics (Oxford, England). 29(8): 1072–1075. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt086

Guyassa C, Dima C. 2022. A short review on *Salmonella* detection methods. Microbiology Research International. 10(3): 32-39. https://doi.org/10.30918/MRI.103.22.024

Guzinski J, Potter J, Tang Y, Davies R, Teale C, Petrovska L. 2024. Geographical and temporal distribution of multidrug-resistant *Salmonella* Infantis in Europe and the Americas. Frontiers in microbiology. 14: 1244533. https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1244533

Hadfield J, Croucher NJ, Goater RJ, Abudahab K, Aanensen DM, Harris SR. 2018. Phandango: an interactive viewer for bacterial population genomics. Bioinformatics (Oxford, England). 34(2): 292–293. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx610

Hawkey J, Le Hello S, Doublet B, Granier SA, Hendriksen RS, Fricke WF, Ceyssens PJ, Gomart C, Billman-Jacobe H, Holt KE, et al. 2019. Global phylogenomics of multidrug-resistant *Salmonella enterica* serotype Kentucky ST198. Microbial genomics. 5(7): e000269. https://doi.org/10.1099/mgen.0.000269

Hayward MR, Jansen V, & Woodward MJ. 2013. Comparative genomics of *Salmonella enterica* serovars Derby and Mbandaka, two prevalent serovars associated with different livestock species in the UK. BMC genomics. 14: 365. https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-365

Hooda Y, Sajib M, Rahman H, Luby SP, Bondy-Denomy J, Santosham M, Andrews JR, Saha SK, Saha S. 2019. Molecular mechanism of azithromycin resistance among typhoidal *Salmonella* strains in Bangladesh identified through passive pediatric surveillance. PLoS neglected tropical diseases. 13(11): e0007868. https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0007868

Hsu CH, Li C, Hoffmann M, McDermott P, Abbott J, Ayers S, Tyson GH, Tate H, Yao K, Allard M, Zhao S. 2019. Comparative Genomic Analysis of Virulence, Antimicrobial Resistance, and Plasmid Profiles of *Salmonella* Dublin Isolated from Sick Cattle, Retail Beef, and Humans in the United States. Microbial drug resistance (Larchmont, N.Y.). 25(8): 1238-1249. https://doi.org/10.1089/mdr.2019.0045

Hu Y, Wang Z, Qiang B, Xu Y, Chen X, Li Q, Jiao X. 2019. Loss and Gain in the Evolution of the *Salmonella enterica* Serovar Gallinarum Biovar Pullorum Genome. mSphere. 4(2): e00627-18. https://doi.org/10.1128/mSphere.00627-18

Huarcaya F, Calle S, Siuce J, Sedano A, Huamaní J, García A, Álvarez L, Gonzales S. 2022. Serotipificación y detección genética de *Salmonella* spp de origen aviar. Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú. 33(3): e22893. https://dx.doi.org/10.15381/rivep.v33i3.22893

Huberman YD, Caballero-García M, Rojas R, Ascanio S, Olmos LH, Malena R, Lomónaco J, Nievas P, Chero P, Lévano-Gracía J, et al. 2022. The Efficacy of a Trivalent Inactivated *Salmonella* Vaccine Combined with the Live S. Gallinarum 9R Vaccine in Young Layers after Experimental Infections with S. Enteritidis, S. Typhimurium, and S. Infantis. Vaccines. 10(7): 1113. https://doi.org/10.3390/vaccines10071113

Hugho EA, Kumburu HH, Thomas K, Lukambagire AS, Wadugu B, Amani N, Kinabo G, Hald T, Mmbaga BT. 2024. High diversity of *Salmonella* spp. from children with diarrhea, food, and environmental sources in Kilimanjaro - Tanzania: one health approach. Frontiers in microbiology. 14: 1277019. https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1277019

Hurtado-Escobar GA, Grépinet O, Raymond P, Abed N, Velge P, & Virlogeux-Payant I. 2019. H-NS is the major repressor of *Salmonella* Typhimurium Pef fimbriae expression. Virulence. 10(1): 849–867. https://doi.org/10.1080/21505594.2019.1682752

Hurtado R, Barh D, Weimer BC, Viana MVC, Profeta R, Sousa TJ, Aburjaile FF, Quino W, Souza RP, Mestanza O, et al. 2022. WGS-Based Lineage and

Antimicrobial Resistance Pattern of *Salmonella* Typhimurium Isolated during 2000-2017 in Peru. Antibiotics (Basel, Switzerland). 11(9): 1170. https://doi.org/10.3390/antibiotics11091170

Hurtado R, Barh D, de Jesus LCL, Canário MV, Tiwari S, Aburjaile FF, Carhuaricra-Huaman DE, Brenig B, Hernández L M, Azevedo V. 2023. The Genomic Approach of Antimicrobial Resistance of *Salmonella* Typhimurium isolates from Guinea Pigs in Lima, Peru. Research in microbiology. 104086. Advance online publication. https://doi.org/10.1016/j.resmic.2023.104086

Hyatt D, Chen GL, Locascio PF, Land ML, Larimer FW, Hauser LJ. 2010. Prodigal: prokaryotic gene recognition and translation initiation site identification. BMC bioinformatics. 11: 119. https://doi.org/10.1186/1471-2105-11-119

Ibrahim GM, Morin PM. 2018. *Salmonella* Serotyping Using Whole Genome Sequencing. Frontiers in microbiology. 9: 2993. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02993

Ilyas B, Tsai CN, Coombes BK. 2017. Evolution of *Salmonella*-Host Cell Interactions through a Dynamic Bacterial Genome. Frontiers in cellular and infection microbiology. 7: 428. https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00428

Jacobsen A, Hendriksen R S, Aaresturp FM, Ussery DW, Friis C. 2011. The *Salmonella enterica* pan-genome. Microbial ecology. 62(3): 487–504. https://doi.org/10.1007/s00248-011-9880-1

Jain P, Sudhanthirakodi S, Chowdhury G, Joshi S, Anandan S, Ray U, Mukhopadhyay A, Dutta S. 2018. Antimicrobial resistance plasmid virulence multilocus sequence typing and pulsed-field gel electrophoresis profiles of *Salmonella enterica* serovar Typhimurium clinical and environmental isolates from India. PloS one. 13(12): e0207954. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0207954

Jajere SM. 2019. A review of *Salmonella enterica* with particular focus on the pathogenicity and virulence factors host specificity and antimicrobial resistance including multidrug resistance. Veterinary world. 12(4): 504–521. https://doi.org/10.14202/vetworld.2019.504-521

Jhusey M, Swayne R, Pachas B, Rivas J, Vicente C, Soberón J. (1994). Evaluación y seguimiento de un brote de salmonellosis en una población urbano marginal. Revista Peruana de Epidemiología. 7(1): 21-29.

Jiang M, Zhu F, Yang C, Deng Y, Kwan P, Li Y, Lin Y, Qiu Y, Shi X, Chen H, et al. 2020. Whole-Genome Analysis of *Salmonella enterica* Serovar Enteritidis Isolates in Outbreak Linked to Online Food Delivery Shenzhen, China, 2018. Emerging infectious diseases. 26(4): 789–792. https://doi.org/10.3201/eid2604.191446

Kang L, Li N, Li P, Zhou Y, Gao S, Gao H, Xin W, Wang J. 2017. MALDI-TOF mass spectrometry provides high accuracy in identification of *Salmonella* at species level but is limited to type or subtype *Salmonella* serovars. European journal of mass spectrometry (Chichester, England). 23(2): 70–82. https://doi.org/10.1177/1469066717699216

Kariuki S, Mbae C, Onsare R, Kavai SM, Wairimu C, Ngetich R, Ali M, Clemens J, Dougan G. 2019. Multidrug-resistant Nontyphoidal *Salmonella* Hotspots as Targets for Vaccine Use in Management of Infections in Endemic Settings. Clinical infectious diseases: an official publication of the Infectious Diseases Society of America. 68(Suppl 1): S10–S15. https://doi.org/10.1093/cid/ciy898

Keaton AA, Schwensohn CA, Brandenburg JM, Pereira E, Adcock B, Tecle S, Hinnenkamp R, Havens J, Bailey K, Applegate B, et al. 2022. Multistate outbreak of *Salmonella* Mbandaka infections linked to sweetened puffed wheat cereal - United States, 2018. Epidemiology and infection. 150: e135. https://doi.org/10.1017/S095026882200108X

Khajanchi BK, Hasan NA, Choi SY, Han J, Zhao S, Colwell RR, Cerniglia CE, Foley SL. 2017. Comparative genomic analysis and characterization of incompatibility group FIB plasmid encoded virulence factors of *Salmonella enterica* isolated from food sources. BMC genomics. 18(1): 570. https://doi.org/10.1186/s12864-017-3954-5

Khajanchi BK, Foley SL. 2022. Antimicrobial Resistance and Increased Virulence of *Salmonella*. Microorganisms. 10(9): 1829. https://doi.org/10.3390/microorganisms10091829

Kgoale DM, Duvenage S, Du Plessis EM, Gokul JK, Korsten L. 2023. Serotype Distribution, Antimicrobial Resistance, Virulence Genes, and Genetic Diversity of *Salmonella* spp. Isolated from small-scale Leafy Green Vegetable Supply Chains in South Africa. Journal of food protection. 87(1): 100195. https://doi.org/10.1016/j.jfp.2023.100195

Kingsley RA, van Amsterdam K, Kramer N, Bäumler AJ. 2000. The shdA gene is restricted to serotypes of *Salmonella enterica* subspecies I and contributes to efficient and prolonged fecal shedding. Infection and immunity. 68(5): 2720–2727. https://doi.org/10.1128/IAI.68.5.2720-2727.2000

Kombade S, Kaur N. 2021. Pathogenicity Island in *Salmonella*. In: *Salmonella - a Challenge from Farm to Fork*. IntechOpen. http://dx.doi.org/10.5772/intechopen.96443

Labská K, Špačková M, Daniel O, Včelák J, Vlasáková V, Černý T, Gelbíčová T, Florianová M, Karpíšková R, Gavačová D, et al. 2021. A cross-border outbreak of *Salmonella* Bareilly cases confirmed by whole genome sequencing Czech Republic and Slovakia 2017 to 2018. Euro surveillance: bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin. 26(14): 2000131. https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.14.2000131

Lawrence AE, Abuaita BH, Berger RP, Hill DR, Huang S, Yadagiri VK, Bons B, Fields C, Wobus CE, Spence JR, et al. 2021. *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium SPI-1 and SPI-2 Shape the Global Transcriptional Landscape in a Human Intestinal Organoid Model System. mBio. 12(3): e00399-21. https://doi.org/10.1128/mBio.00399-21

Lee WWY, Mattock J, Greig DR, Langridge GC, Baker D, Bloomfield S, Mather AE, Wain JR, Edwards AM, Hartman H, et al. 2021. Characterization of a pESI-like plasmid and analysis of multidrug-resistant *Salmonella enterica* Infantis

isolates in England and Wales. Microbial genomics. 7(10): 000658. https://doi.org/10.1099/mgen.0.000658

Leekitcharoenphon P, Lukjancenko O, Friis C, Aarestrup FM, Ussery DW. 2012. Genomic variation in *Salmonella enterica* core genes for epidemiological typing. BMC genomics. 13: 88. https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-88

Lerminiaux NA, MacKenzie KD, Cameron A. 2020. *Salmonella* Pathogenicity Island 1 (SPI-1): The Evolution and Stabilization of a Core Genomic Type Three Secretion System. Microorganisms. 8(4): 576. https://doi.org/10.3390/microorganisms8040576

Li IC, Wu HH, Chen ZW, Chou CH. 2021. Prevalence of IncFIB Plasmids Found among *Salmonella enterica* Serovar Schwarzengrund Isolates from Animal Sources in Taiwan Using Whole-Genome Sequencing. Pathogens (Basel, Switzerland). 10(8): 1024. https://doi.org/10.3390/pathogens10081024

Lindsey RL, Fedorka-Cray PJ, Frye JG, Meinersmann RJ. 2009. Inc A/C plasmids are prevalent in multidrug-resistant *Salmonella enterica* isolates. Applied and environmental microbiology. 75(7): 1908–1915. https://doi.org/10.1128/AEM.02228-08

Liu X, Jiang Z, Liu Z, Li D, Liu Z, Dong X, Yan S. 2023. Research Progress of *Salmonella* Pathogenicity Island. International Journal of Biology and Life Sciences. 2(3): 7-11. https://doi.org/10.54097/ijbls.v2i3.8643

Lou L, Zhang P, Piao R, Wang Y. 2019. *Salmonella* Pathogenicity Island 1 (SPI-1) and Its Complex Regulatory Network. Frontiers in cellular and infection microbiology. 9: 270. https://doi.org/10.3389/fcimb.2019.00270

Lv N, Ni J, Fang S, Liu Y, Wan S, Sun C, Li J, Zhou A. 2024. Potential Convergence to Accommodate Pathogenicity Determinants and Antibiotic Resistance Revealed in *Salmonella* Mbandaka. Microorganisms. 12(8): 1667. https://doi.org/10.3390/microorganisms12081667

Mangmee S, Reamtong O, Kalambaheti T, Roytrakul S, Sonthayanon P. 2020. MALDI-TOF mass spectrometry typing for predominant serovars of non-typhoidal

Salmonella in a Thai broiler industry. Food Control. 113: 107188. https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2020.107188

Martínez-Puchol S, Riveros M, Ruidias K, Granda A, Ruiz-Roldán L, Zapata-Cachay C, Ochoa TJ, Pons MJ, Ruiz J. 2021. Dissemination of a multidrug resistant CTX-M-65 producer *Salmonella enterica* serovar Infantis clone between marketed chicken meat and children. International journal of food microbiology. 344: 109109. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109109

Mattock J, Smith AM, Keddy KH, Manners EJ, Duze ST, Smouse S, Tau N, Baker D, Chattaway MA, Mather AE, Wain J, Langridge GC. 2022. Genetic characterization of *Salmonella* Infantis from South Africa, 2004-2016. Access microbiology. 4(7): acmi000371. https://doi.org/10.1099/acmi.0.000371

McMillan EA, Gupta SK, Williams LE, Jové T, Hiott LM, Woodley TA, Barrett JB, Jackson CR, Wasilenko JL, Simmons M, et al. 2019. Antimicrobial Resistance Genes Cassettes and Plasmids Present in *Salmonella enterica* Associated With United States Food Animals. Frontiers in microbiology. 10: 832. https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00832

McMillan EA, Jackson CR, Frye JG. 2020. Transferable Plasmids of *Salmonella enterica* Associated With Antibiotic Resistance Genes. Frontiers in microbiology. 11: 562181. https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.562181

Mestanza O. 2019. Like Blast Score Ratio (BSR). Repositorio Github [citado 27 de mayo de 2022]. Disponible en: https://github.com/OrsonMM/Blast-score-ratiofor-genomics

Néron B, Littner E, Haudiquet M, Perrin A, Cury J, Rocha E. 2022. IntegronFinder 2.0: Identification and Analysis of Integrons across Bacteria with a Focus on Antibiotic Resistance in Klebsiella. Microorganisms. 10(4): 700. https://doi.org/10.3390/microorganisms10040700

Neuert S, Nair S, Day MR, Doumith M, Ashton PM, Mellor KC, Jenkins C, Hopkins KL, Woodford N, de Pinna E, et al. 2018. Prediction of Phenotypic Antimicrobial Resistance Profiles From Whole Genome Sequences of Non-typhoidal

Salmonella enterica. Frontiers in microbiology. 9: 592. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00592

Nógrády N, Király M, Davies R, Nagy B. 2012. Multidrug resistant clones of *Salmonella* Infantis of broiler origin in Europe. International journal of food microbiology. 157(1): 108–112. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.04.007

Page AJ, Cummins CA, Hunt M, Wong VK, Reuter S, Holden MT, Fookes M, Falush D, Keane JA, Parkhill J. 2015. Roary: rapid large-scale prokaryote pan genome analysis. Bioinformatics (Oxford, England). 31(22): 3691–3693. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv421

Pan H, Zhou X, Chai W, Paudyal N, Li S, Zhou X, Zhou K, Wu Q, Wu B, Li G, Rajkovic A, Fang W, Rankin SC, Li Y, Xu X, Schifferli DM, Yue M. 2019. Diversified sources for human infections by *Salmonella enterica* serovar newport. Transboundary and emerging diseases. 66(2): 1044–1048. https://doi.org/10.1111/tbed.13099

Panzenhagen PHN, Paul NC, Conte CA, Costa RG, Rodrigues DP, Shah DH. 2018. Genetically distinct lineages of *Salmonella* Typhimurium ST313 and ST19 are present in Brazil. International journal of medical microbiology: IJMM. 308(2): 306–316. https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2018.01.005

Pardo-Esté C, Lorca D, Castro-Severyn J, Krüger G, Alvarez-Thon L, Zepeda P, Sulbaran-Bracho Y, Hidalgo A, Tello M, Molina F, et al. 2021. Genetic Characterization of *Salmonella* Infantis with Multiple Drug Resistance Profiles Isolated from a Poultry-Farm in Chile. Microorganisms. 9(11): 2370. https://doi.org/10.3390/microorganisms9112370

Parra-Flores J, Holý O, Acuña S, Lepuschitz S, Pietzka A, Contreras-Fernández A, Chavarría-Sepulveda P, Cruz-Córdova A, Xicohtencatl-Cortes J, Mancilla-Rojano J, et al. 2022. Genomic Characterization of Cronobacter spp. and *Salmonella* spp. Strains Isolated From Powdered Infant Formula in Chile. Frontiers in microbiology. 13: 884721. https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.884721

Parra-Payano VD, Rondón-Paz CR, García C. 2019. Salmonelosis invasiva en un hospital de Lima Perú. Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Publica. 36(3): 464-468. https://dx.doi.org/10.17843/rpmesp.2019.363.4330

Partridge SR, Kwong SM, Firth N, Jensen SO. 2018. Mobile Genetic Elements Associated with Antimicrobial Resistance. Clinical microbiology reviews. 31(4): e00088-17. https://doi.org/10.1128/CMR.00088-17

Paudyal N, Pan H, Wu B, Zhou X, Zhou X, Chai W, Wu Q, Li S, Li F, Gu G, Wang H, Hu Q, Xu X, Li Y, Yue M. 2020. Persistent Asymptomatic Human Infections by *Salmonella enterica* Serovar Newport in China. mSphere. 5: 10.1128/msphere.00163-20. https://doi.org/10.1128/msphere.00163-20

Pearce ME, Alikhan NF, Dallman TJ, Zhou Z, Grant K, Maiden M. 2018. Comparative analysis of core genome MLST and SNP typing within a European *Salmonella* serovar Enteritidis outbreak. International journal of food microbiology. 274: 1–11. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2018.02.023

Pico-Rodríguez JT, Martínez-Jarquín H, Gómez-Chávez JJ, Juárez-Ramírez M, & Martínez-Chavarría LC. 2023. Effect of *Salmonella* pathogenicity island 1 and 2 (SPI-1 and SPI-2) deletion on intestinal colonization and systemic dissemination in chickens. Veterinary research communications. 10.1007/s11259-023-10185-z. https://doi.org/10.1007/s11259-023-10185-z

Popa GL, Papa MI. 2021. *Salmonella* spp. infection - a continuous threat worldwide. Germs. 11(1): 88–96. https://doi.org/10.18683/germs.2021.1244

Portes AB, Rodrigues G, Leitão MP, Ferrari R, Conte Junior CA, Panzenhagen P. 2022. Global distribution of plasmid-mediated colistin resistance mcr gene in *Salmonella*: A systematic review. Journal of applied microbiology. 132(2): 872–889. https://doi.org/10.1111/jam.15282

Pulford CV, Perez-Sepulveda BM, Canals R, Bevington JA, Bengtsson RJ, Wenner N, Rodwell EV, Kumwenda B, Zhu X, Bennett RJ, et al. 2021. Stepwise evolution of *Salmonella* Typhimurium ST313 causing bloodstream infection in Africa. Nature microbiology. 6(3): 327–338. https://doi.org/10.1038/s41564-020-00836-1

Quino W, Hurtado CV, Escalante-Maldonado O, Flores-León D, Mestanza O, Vences-Rosales F, Zamudio ML, Gavilán RG. 2019. Multidrogorresistencia de *Salmonella* Infantis en Perú: un estudio mediante secuenciamiento de nueva generación. Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Publica. 36(1): 37-45. https://dx.doi.org/10.17843/rpmesp.2019.361.3934

Quino W, Caro-Castro J, Mestanza O, Hurtado CV, Zamudio ML, Gavilan RG. 2020a. Phylogenetic structure of *Salmonella* Enteritidis provides context for a foodborne outbreak in Peru. Scientific reports. 10(1): 22080. https://doi.org/10.1038/s41598-020-78808-y

Quino W, Hurtado CV, Meza AM, Zamudio ML, Gavilan RG. 2020b. Patrones de resistencia a los antimicrobianos en serovares de *Salmonella enterica* en Perú, 2012-2015. Revista Chilena de Infectología. 37(4): 395-401. http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182020000400395

Rao S, Linke L, Doster E, Hyatt D, Burgess BA, Magnuson R, Pabilonia KL, Morley PS. 2020. Genomic diversity of class I integrons from antimicrobial resistant strains of *Salmonella* Typhimurium isolated from livestock poultry and humans. PloS one 15(12): e0243477. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243477

Ríos A, Morales-Cauti S, Vilca M, Carhuallanqui A, Ramos D. 2019. Determinación del perfil de resistencia antibiótica de *Salmonella enterica* aislada de cerdos faenados en un matadero de Lima, Perú. Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú. 30(1): 438-445. http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v30i1.15701

Robertson J, Yoshida C, Kruczkiewicz P, Nadon C, Nichani A, Taboada EN, Nash J. 2018. Comprehensive assessment of the quality of *Salmonella* whole genome sequence data available in public sequence databases using the *Salmonella* in silico Typing Resource (SISTR). Microbial genomics. 4(2): e000151. https://doi.org/10.1099/mgen.0.000151

Rosselin M, Virlogeux-Payant I, Roy C, Bottreau E, Sizaret PY, Mijouin L, Germon P, Caron E, Velge P, & Wiedemann A. 2010. Rck of *Salmonella enterica*,

subspecies *enterica* serovar enteritidis, mediates zipper-like internalization. Cell research. 20(6): 647–664. https://doi.org/10.1038/cr.2010.45

Rychlik I, Gregorova D, & Hradecka H. 2006. Distribution and function of plasmids in *Salmonella enterica*. Veterinary microbiology. 112(1): 1–10. https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2005.10.030

Salvatierra G, Rimac R, Chero A, Reyna I, Rosadio R, Maturrano L. 2018. Resistencia antimicrobiana y genotipificación de cepas de *Salmonella* Typhimurium aisladas de cuyes (Cavia porcellus) provenientes de granjas de producción intensiva de la ciudad de Lima, Perú. Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú. 29(1): 319-327. http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v29i1.14089

Sana TG, Flaugnatti N, Lugo KA, Lam LH, Jacobson A, Baylot V, Durand E, Journet L, Cascales E, & Monack DM. 2016. *Salmonella* Typhimurium utilizes a T6SS-mediated antibacterial weapon to establish in the host gut. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 113(34): E5044–E5051. https://doi.org/10.1073/pnas.1608858113

Sawicki VA, Allison MJ, Dalton HP. 1976. Presence of *Salmonella* antigens in feces from a Peruvian mummy. Bulletin of the New York Academy of Medicine. 52(7), 805–813.

Seemann T. 2014. Prokka: rapid prokaryotic genome annotation. Bioinformatics (Oxford, England). 30(14): 2068–2069. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu153

Seif Y, Kavvas E, Lachance JC, Yurkovich JT, Nuccio SP, Fang X, Catoiu E, Raffatellu M, Palsson BO, Monk JM. 2018. Genome-scale metabolic reconstructions of multiple *Salmonella* strains reveal serovar-specific metabolic traits. Nature communications. 9(1): 3771. https://doi.org/10.1038/s41467-018-06112-5

Seribelli AA, da Silva P, da Cruz MF, de Almeida F, Frazão MR, Medeiros M, Rodrigues D, Kich JD, de Jesus Benevides L, Soares SC, et al. 2021. Insights about the epidemiology of *Salmonella* Typhimurium isolates from different

sources in Brazil using comparative genomics. Gut pathogens. 13(1): 27. https://doi.org/10.1186/s13099-021-00423-7

Serrano-Fujarte I, Calva E, García-Domínguez J, Ortiz-Jiménez S, Puente JL. 2024. Population structure and ongoing microevolution of the emerging multidrug-resistant *Salmonella* Typhimurium ST213. npj Antimicrobials and resistance. 2: 10. https://doi.org/10.1038/s44259-024-00027-6

Sévellec Y, Vignaud ML, Granier SA, Lailler R, Feurer C, Le Hello S, Mistou MY, Cadel-Six S. 2018. Polyphyletic Nature of *Salmonella enterica* Serotype Derby and Lineage-Specific Host-Association Revealed by Genome-Wide Analysis. Frontiers in microbiology. 9: 891. https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00891

Shariat NW, Timme RE, Walters AT. 2021. Phylogeny of *Salmonella enterica* subspecies arizonae by whole-genome sequencing reveals high incidence of polyphyly and low phase 1 H antigen variability. Microbial genomics. 7(2): 000522. https://doi.org/10.1099/mgen.0.000522

Sibinelli-Sousa S, Hespanhol JT, Nicastro GG, Matsuyama BY, Mesnage S, Patel A, de Souza RF, Guzzo CR, & Bayer-Santos E. 2020. A Family of T6SS Antibacterial Effectors Related to l,d-Transpeptidases Targets the Peptidoglycan. Cell reports. 31(12): 107813. https://doi.org/10.1016/j.celrep.2020.107813

Siira L, Naseer U, Alfsnes K, Hermansen NO, Lange H, Brandal LT. 2019. Whole genome sequencing of *Salmonella* Chester reveals geographically distinct clusters Norway 2000 to 2016. Euro surveillance: bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin. 24(4): 1800186. https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.4.1800186

Silva C, Betancor L, García C, Astocondor L, Hinostroza N, Bisio J, Rivera J, Perezgasga L, Pérez Escanda V, Yim L, et al. 2017. Characterization of *Salmonella enterica* isolates causing bacteremia in Lima Peru using multiple typing methods. PloS one. 12(12): e0189946. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0189946

Sodagari HR, Sahibzada S, Robertson I, Habib I, Wang P. 2021. Whole-Genome Comparative Analysis Reveals Association Between *Salmonella* Genomic

Variation and Egg Production Systems. Frontiers in veterinary science. 8: 666767. https://doi.org/10.3389/fvets.2021.666767

Stamatakis A. 2014. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. Bioinformatics (Oxford, England). 30(9): 1312–1313. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033

Suez J, Porwollik S, Dagan A, Marzel A, Schorr YI, Desai PT, Agmon V, McClelland M, Rahav G, Gal-Mor O. 2013. Virulence gene profiling and pathogenicity characterization of non-typhoidal *Salmonella* accounted for invasive disease in humans. PloS one. 8(3): e58449. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0058449

Switt AI, Sulakvelidze A, Wiedmann M, Kropinski AM, Wishart DS, Poppe C, Liang Y. 2015. *Salmonella* phages and prophages: genomics, taxonomy, and applied aspects. Methods in molecular biology (Clifton, N.J.). 1225: 237–287. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-1625-2_15

Tassinari E, Bawn M, Thilliez G, Charity O, Acton L, Kirkwood M, Petrovska L, Dallman T, Burgess CM, Hall N, et al. 2020. Whole-genome epidemiology links phage-mediated acquisition of a virulence gene to the clonal expansion of a pandemic *Salmonella enterica* serovar Typhimurium clone. Microbial genomics. 6(11): mgen000456. https://doi.org/10.1099/mgen.0.000456

Tate H, Folster JP, Hsu CH, Chen J, Hoffmann M, Li C, Morales C, Tyson GH, Mukherjee S, Brown AC, et al. 2017. Comparative Analysis of Extended-Spectrum-β-Lactamase CTX-M-65-Producing *Salmonella enterica* Serovar Infantis Isolates from Humans, Food Animals, and Retail Chickens in the United States. Antimicrobial agents and chemotherapy. 61(7): e00488-17. https://doi.org/10.1128/AAC.00488-17

Tatusov RL, Galperin MY, Natale DA, Koonin EV. 2000. The COG database: a tool for genome-scale analysis of protein functions and evolution. Nucleic acids research. *28*(1): 33–36. https://doi.org/10.1093/nar/28.1.33

Tonkin-Hill G, Lees JA, Bentley SD, Frost S, Corander J. 2018. RhierBAPS: An R implementation of the population clustering algorithm hierBAPS. Wellcome open research. 3: 93. https://doi.org/10.12688/wellcomeopenres.14694.1

Toro M, Retamal P, Ayers S, Barreto M, Allard M, Brown EW, Gonzalez-Escalona N. 2016. Whole-Genome Sequencing Analysis of *Salmonella enterica* Serovar Enteritidis Isolates in Chile Provides Insights into Possible Transmission between Gulls, Poultry, and Humans. Applied and environmental microbiology. 82(20): 6223–6232. https://doi.org/10.1128/AEM.01760-16

Treangen TJ, Ondov BD, Koren S, Phillippy AM. 2014. The Harvest suite for rapid core-genome alignment and visualization of thousands of intraspecific microbial genomes. Genome biology. 15(11): 524. https://doi.org/10.1186/s13059-014-0524-x

Trofeit L, Sattler E, Künz J, Hilbert F. 2023. *Salmonella* Prophages, Their Propagation, Host Specificity and Antimicrobial Resistance Gene Transduction. Antibiotics (Basel, Switzerland). 12(3): 595. https://doi.org/10.3390/antibiotics12030595

Tyson GH, Li C, Harrison LB, Martin G, Hsu CH, Tate H, Tran TT, Strain E, Zhao S. 2021. A Multidrug-Resistant *Salmonella* Infantis Clone is Spreading and Recombining in the United States. Microbial drug resistance (Larchmont, N.Y.). 27(6): 792–799. https://doi.org/10.1089/mdr.2020.0389

Vaid RK, Thakur Z, Anand T, Kumar S, Tripathi BN. 2021. Comparative genome analysis of *Salmonella enterica* serovar Gallinarum biovars Pullorum and Gallinarum decodes strain specific genes. PloS one. 16(8): e0255612. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0255612

Vallejos-Sánchez K, Tataje-Lavanda L, Villanueva-Pérez D, Bendezú J, Montalván Á, Zimic-Peralta M, Fernández-Sánche, M, Fernández-Díaz M. 2019. Whole-Genome Sequencing of a *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Serovar Infantis Strain Isolated from Broiler Chicken in Peru. Microbiology resource announcements. 8(43): e00826-19. https://doi.org/10.1128/MRA.00826-19

Veeraraghavan B, Jacob JJ, Prakash J, Pragasam AK, Neeravi A, Narasimman V, Anandan S. 2019. Extensive drug resistant *Salmonella enterica* serovar Senftenberg carrying blaNDM encoding plasmid p5558 (IncA/C) from India. Pathogens and global health. 113(1): 20–26. https://doi.org/10.1080/20477724.2019.1574112

Velásquez JC, Hidalgo AA, Villagra N, Santiviago CA, Mora GC, & Fuentes JA. 2016. SPI-9 of *Salmonella enterica* serovar Typhi is constituted by an operon positively regulated by RpoS and contributes to adherence to epithelial cells in culture. Microbiology (Reading, England). 162(8): 1367-1378. https://doi.org/10.1099/mic.0.000319

Vinueza-Burgos C, Medina-Santana J, Maldonado R, Vásquez Y, Lincango L, Villagomez E, Gómez C, Ron-Garrido L & Cevallos-Almeida MB. 2023. Evaluation of Virulence of *Salmonella* Infantis and *Salmonella* Enteritidis with In Vitro and In Vivo Models. Foodborne Pathogens and Disease. ahead of print. http://doi.org/10.1089/fpd.2023.0060

Wahl A, Battesti A, Ansaldi M. 2019. Prophages in *Salmonella enterica*: a driving force in reshaping the genome and physiology of their bacterial host? Molecular microbiology. 111(2): 303–316. https://doi.org/10.1111/mmi.14167

Wagner C, & Hensel M. 2011. Adhesive mechanisms of *Salmonella enterica*. Advances in experimental medicine and biology. 715: 17–34. https://doi.org/10.1007/978-94-007-0940-9_2

Webber B, Borges KA, Furian TQ, Rizzo NN, Tondo EC, dos Santos LR, Rodrigues LB, do Nascimento VP. 2019. Detection of virulence genes in *Salmonella* Heidelberg isolated from chicken carcasses. Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo. 61: e36. https://doi.org/10.1590/S1678-9946201961036

Worley J, Meng J, Allard MW, Brown EW, Timme RE. 2018. *Salmonella enterica* Phylogeny Based on Whole-Genome Sequencing Reveals Two New Clades and Novel Patterns of Horizontally Acquired Genetic Elements. mBio. 9(6): e02303-18. https://doi.org/10.1128/mBio.02303-18

Xu H, Zhang W, Zhang K, Zhang Y, Wang Z, Zhang W, Li Y, Li Q. 2021. Characterization of *Salmonella* serotypes prevalent in asymptomatic people and patients. BMC infectious diseases. 21(1): 632. https://doi.org/10.1186/s12879-021-06340-z

Yang SM, Baek J, Kim E, Kim HB, Ko S, Kim D, Yoon H, Kim HY. 2020. Development of a Genoserotyping Method for *Salmonella* Infantis Detection on the Basis of Pangenome Analysis. Microorganisms. 9(1): 67. https://doi.org/10.3390/microorganisms9010067

Yang SM, Kim E, Kim D, Kim HB, Baek J, Ko S, Kim D, Yoon H, Kim HY. 2021. Rapid Real-Time Polymerase Chain Reaction for *Salmonella* Serotyping Based on Novel Unique Gene Markers by Pangenome Analysis. Frontiers in microbiology. 12: 750379. https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.750379

Yin Z, Liu J, Du B, Ruan HH, Huo YX, Du Y, Qiao J. 2020. Whole-Genome-Based Survey for Polyphyletic Serovars of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Provides New Insights into Public Health Surveillance. International journal of molecular sciences. 21(15): 5226. https://doi.org/10.3390/ijms21155226

Yoon SH, Park YK, Kim JF. 2015. PAIDB v2.0: exploration and analysis of pathogenicity and resistance islands. Nucleic acids research. 43 (Database issue) D624–D630. https://doi.org/10.1093/nar/gku985

Yuan Y, Seif Y, Rychel K, Yoo R, Chauhan S, Poudel S, Al-Bulushi T, Palsson BO, Sastry AV. 2022. Pan-Genome Analysis of Transcriptional Regulation in Six *Salmonella enterica* Serovar Typhimurium Strains Reveals Their Different Regulatory Structures. mSystems. 7(6): e0046722. https://doi.org/10.1128/msystems.00467-22

Zając M, Skarżyńska M, Lalak A, Iwan E, Wasyl D. 2024. Detection of *Salmonella* Mbandaka Carrying the blaCTX-M-8 Gene Located on IncI1 Plasmid Isolated from a Broiler Flock Environment. Pathogens (Basel, Switzerland). 13(9): 723. https://doi.org/10.3390/pathogens13090723

Zakaria Z, Hassan L, Sharif Z, Ahmad N, Ali RM, Husin SA, Hazis NHBA, Sohaimi NFM, Bakar SA, Garba B. 2020. Analysis of *Salmonella enterica* serovar

Enteritidis isolates from chickens and chicken meat products in Malaysia using PFGE, and MLST. BMC veterinary research. 16(1): 393. https://doi.org/10.1186/s12917-020-02605-y

Zankari E, Allesøe R, Joensen KG, Cavaco LM, Lund O, Aarestrup FM. 2017. PointFinder: a novel web tool for WGS-based detection of antimicrobial resistance associated with chromosomal point mutations in bacterial pathogens. The Journal of antimicrobial chemotherapy. 72(10): 2764–2768. https://doi.org/10.1093/jac/dkx217

Zeng S, Huang Y, Zhang X, Fu L, Sun Z, Li X. 2023. Molecular characterization of IncFII plasmid carrying blaNDM-5 in a *Salmonella enterica* serovar Typhimurium ST34 clinical isolate in China. mSphere. e0048023. https://doi.org/10.1128/msphere.00480-23

Zhang S, den Bakker HC, Li S, Chen J, Dinsmore BA, Lane C, Lauer AC, Fields PI, Deng X. 2019. SeqSero2: Rapid and Improved *Salmonella* Serotype Determination Using Whole-Genome Sequencing Data. Applied and environmental microbiology. 85(23): e01746-19. https://doi.org/10.1128/AEM.01746-19

Zhang C, Wang Y, Lu Y, Xu X. 2021. Multilocus sequence typing analysis and second-generation sequencing analysis of *Salmonella* Wandsworth. Journal of clinical laboratory analysis. 35(9): e23901. https://doi.org/10.1002/jcla.23901

Zhao S, Li C, Hsu CH, Tyson GH, Strain E, Tate H, Tran TT, Abbott J, McDermott PF. 2020. Comparative Genomic Analysis of 450 Strains of *Salmonella enterica* Isolated from Diseased Animals. Genes. 11(9): 1025. https://doi.org/10.3390/genes11091025

X. ANEXOS

Anexo 1. Datos de las cepas de *Salmonella* no tifoidea incluidas en este estudio.

Nro de orden	Código del aislado	Año de aislamiento	Departamento	Serovar
1	3.119-1999	1998	Lima	Enteritidis
2	3.105-1999	1998	Lima	Enteritidis
3	3.110-1999	1998	Lima	Enteritidis
4	3.112-1999	1998	Lima	Enteritidis
5	2.824-1999	1998	Lambayeque	Enteritidis
6	3.056-1999	1998	Lima	Newport
7	3.026-1999	1998	Lima	Newport
8	2.236-1999	1999	Lambayeque	Enteritidis
9	2.848-1999	1999	La Libertad	Enteritidis
10	2.840-1999	1999	La Libertad	Enteritidis
11	2.846-1999	1999	La Libertad	Enteritidis
12	2.838-1999	1999	La Libertad	Enteritidis
13	1.389-1999	1999	Lima	Typhimurium
14	1.480-1999	1999	Lima	Enteritidis
15	2.352-1999	1999	La Libertad	Enteritidis
16	2.694-1999	1999	Lambayeque	Typhimurium
17	1.299-1999	1999	Lima	Enteritidis
18	2.834-1999	1999	Lambayeque	Enteritidis
19	2.850-1999	1999	La Libertad	Enteritidis
20	2.852-1999	1999	La Libertad	Enteritidis
21	2.835-1999	1999	Lambayeque	Enteritidis
22	2.849-1999	1999	La Libertad	Enteritidis
23	2.586-1999	1999	Junin	Newport
24	2.588-1999	1999	Junin	Typhimurium
25	2.003-2000	1999	Tacna	Newport
26	2.055-2000	1999	Loreto	Newport
27	4.064-2000	1999	Junin	Enteritidis
28	1.615-2000	2000	Lima	Enteritidis
29	1.629-2000	2000	Lima	Mbandaka
30	2.674-2000	2000	Apurimac	Typhimurium
31	2.677-2000	2000	Apurimac	Newport
32	2.066-2000	2000	Junin	Newport
33	2.097-2000	2000	Ancash	Newport
34	2.240-2000	2000	Loreto	Indiana
35	1.354-2000	2000	Lima	Enteritidis
36	2.390-2000	2000	Lima	Enteritidis
37	2.391-2000	2000	Lima	Enteritidis
38	2.393-2000	2000	Lima	Enteritidis
39	1.235-2000	2000	Lima	Enteritidis
40	2.394-2000	2000	Lima	Enteritidis
41	2.701-2000	2000	Lambayeque	Typhimurium
42	2.823-2000	2000	Cajamarca	Typhimurium
43	2.828-2000	2000	Cajamarca	Hadar
44	2.830-2000	2000	Cajamarca	Hadar
45	2.833-2000	2000	Cajamarca	Typhimurium
46	2.917-2000	2000	Ancash	Typhimurium
47	1.942-2000	2000	Lima	Typhimurium
48	1.944-2000	2000	Lima	Typhimurium
49	1.1028-2000	2000	Lima	Typhimurium
50	2.780-2000	2000	Lambayeque	Typhimurium
51	2.817-2000	2000	Cajamarca	Typhimurium
52	2.808-2000	2000	Cajamarca	Typhimurium
53	2.812-2000	2000	Cajamarca	Typhimurium
54	2.445-2001	2001	Ancash	Mbandaka
55	2.455-2001	2001	Ancash	Mbandaka
56	2.456-2001	2001	Ancash	Mbandaka
57	1.358-2001	2001	Lima	Mbandaka
58	2.558-2001	2001	Puno	Enteritidis
59	2.566-2001	2001	Loreto	Mbandaka
60	2.567-2001	2001	Loreto	Mbandaka
61	1.607-2001	2001	Lima	Mbandaka
62	2.615-2001	2001	Arequipa	Enteritidis
63	2.629-2001	2001	Arequipa	Enteritidis
64	2.006-2001	2001	La Libertad	Typhimurium
65	2.007-2001	2001	La Libertad	Typhimurium
66	2.011-2001	2001	La Libertad	Typhimurium

67	2.004-2001	2001	La Libertad	Enteritidis
68	2.015-2001	2001	La Libertad	Enteritidis
69	2.121-2001	2001	Ancash	Typhimurium
70	2.288-2001	2001	Moquegua	Enteritidis
71	1.676-2001	2001	Lima	Typhimurium
72	1.653-2001	2001	Lima	Typhimurium
73	2.814-2000	2001	Ancash	Typhimurium
74	2.802-2001	2001	Ancash	Typhimurium
75	2.816-2001	2001	Moquegua	Typhimurium
76	2.817-2001	2001	Moquegua	Typhimurium
77	2.836-2001	2001	Cusco	Typhimurium
78	2.837-2001	2001	Cusco	Typhimurium
79	2.838-2001	2001	Cusco	Typhimurium
80	2.839-2001	2001	Cusco	Typhimurium
81	2.842-2001	2001	Cusco	Enteritidis
82	2.846-2001	2001	Cusco	Enteritidis
83	2.847-2001	2001	Cusco	Mbandaka
84	2.850-2001	2001	Cusco	Enteritidis
85	2.853-2001	2001	Cusco	Mbandaka
86	2.884-2001	2001	Arequipa	Enteritidis
87	1.960-2001	2001	Lima	Enteritidis
88	2.439-2001	2001	Ancash	Mbandaka
89	2.186-2002	2002	Lambayeque	Mbandaka
90	1.188-2002	2002	Lima	Enteritidis
91	1.032-2002	2002	Lima	Mbandaka
92	3.071-2002	2002	Lima	Mbandaka
93	2.089-2002	2002	Tumbes	Enteritidis
94	1.086-2002	2002	Lima	Mbandaka
95	1.084-2002	2002	Lima	Enteritidis
96	3.081-2002	2002	Lima	Enteritidis
97	2.137-2002	2002	Arequipa	Enteritidis
98	2.139-2002	2002	Arequipa	Enteritidis
99	2.149-2002	2002	Lambayeque	Enteritidis
100	3.153-2002	2002	Lima	Enteritidis
101	3.154-2002	2002	Lima	Enteritidis
102	3.155-2002	2002	Lima	Enteritidis
103	2.225-2002	2002	Lambayeque	Enteritidis
104	2.227-2002	2002	Lambayeque	Enteritidis
105	3.250-2002	2002	Lima	Enteritidis
106	3.251-2002	2002	Lima	Enteritidis
107	1.363-2002	2002	Lima	Enteritidis
108	3.334-2002	2002	Lima	Mbandaka
109	2.383-2002	2002	Arequipa	Newport
110	1.296-2002	2002	Lima	Newport
111	2.284-2002	2002	Ayacucho	Newport
112	3.073-2003	2003	Lima	Newport
113	3.143-2003	2003	Lima	Newport
114	2.050-2003	2003	Arequipa	Newport
115	2.383-2004	2004	Ancash	Newport
116	2.158-2005	2005	Tacna	Newport
117	2.169-2005	2005	Tacna	Enteritidis
118	1.183-2005	2005	Lima	Newport
119	1.190-2005	2005	Lima	Enteritidis
120	3.263-2005	2005	Lima	Newport
121	3.264-2005	2005	Lima	Newport
122	1.188-2005	2005	Lima	Newport
123	1.256-2005	2005	Lima	Newport
124	3.266-2005	2005	Lima	Newport
125	3.268-2005	2005	Lima	Newport
126	3.272-2005	2005	Lima	Newport
127	3.273-2005	2005	Lima	Newport
128	2.297-2005	2005	Lima	Newport
129	1.339-2005	2005	Lima	Newport
130	2.355-2005	2005	Cajamarca	Newport
131	4.410-2005	2005	Huanuco	Newport
132	4.411-2005	2005	Huanuco	Newport
133	1.414-2005	2005	Ancash	Typhimurium
134	1.421-2005	2005	Ancash	Newport
135	2.424-2005	2005	La Libertad	Typhimurium
136	1.444-2005	2005	Lima	Typhimurium
137	1.455-2005	2005	Lima	Typhimurium
138	2.487-2005	2005	Lambayeque	Typhimurium
139	2.535-2005	2005	Puno	Typhimurium
140	2.556-2005	2005	Puno	Typhimurium
141	1.584-2005	2005	Lima	Typhimurium
142	2.423-2005	2005	La Libertad	Typhimurium

143	1.599-2005	2005	Lima	Enteritidis
144	1.646-2005	2005	Callao	Newport
145	1.647-2005	2005	Callao	Typhimurium
146	1.649-2005	2005	Callao	Newport
147	1.652-2005	2005	Callao	Newport
148	1.656-2005	2005	Callao	Typhimurium
149	1.660-2005	2005	Callao	Newport
150	1.328-2005	2005	Lima	Newport
151	1.778-2005	2005	Lima	Newport
152	3.779-2005	2005	Lima	Newport
153	3.780-2005	2005	Lima	Newport
154	2.783-2005	2005	Lambayeque	Typhimurium
155	2.784-2005	2005	Lambayeque	Typhimurium
156	2.792-2005	2005	Ancash	Typhimurium
157	2.798-2005	2005	Moquegua	Newport
158	2.800-2005	2005	Moquegua	Newport
159	2.803-2005	2005	Moquegua	Newport
160	2.011-2006	2006	Lambayeque	Enteritidis
161	2.012-2006	2006	Lambayeque	Enteritidis
162	2.015-2006	2006	Lambayeque	Enteritidis
163	1.023-2006	2006	Lima	Newport
164	1.028-2006	2006	Callao	Typhimurium
165	1.043-2006	2006	Lima	Typhimurium
166	2.054-2006	2006	Ancash	Typhimurium
167	1.102-2006	2006	Lima	Typhimurium
168	2.166-2006	2006	Lambayeque	Enteritidis
169	3.235-2006	2006	Lima	Typhimurium
170	3.238-2006	2006	Lima	Oranienburg
171	3.239-2006	2006	Lima	Typhimurium
172	3.240-2006	2006	Lima	Typhimurium
173	3.241-2006	2006	Lima	Typhimurium
174	3.269-2006	2006	Lima	Typhimurium
175	1.289-2006	2006	Lima	Typhimurium
176	1.290-2006	2006	Lima	Newport
177	2.301-2006	2006	La Libertad	Enteritidis
178	2.322-2006	2006	Ica	Typhimurium
179	1.340-2006	2006	Lima	Newport
180	1.341-2006	2006	Lima	Newport
181	2.415-2006	2006	Ancash	Infantis
182	1.416-2006	2006	Lima	Enteritidis
183	2.466-2006	2006	Loreto	Enteritidis
184	1.417-2006	2006	Lima	Newport
185	1.423-2006	2006	Lima	Newport
186	1.424-2006	2006	Lima	Newport
187	1.439-2006	2006	Lima	Newport
188	2.469-2006	2006	Loreto	Enteritidis
189	2.473-2006	2006	Loreto	Newport
190	2.474-2006	2006	Loreto	Newport
191	2.475-2006	2006	Lima	Newport
192	2.476-2006	2006	Lima	Newport
193	3.519-2006	2006	Lima	Enteritidis
194	2.594-2006	2006	Ancash	Typhimurium
195	2.596-2006	2006	Ancash	Newport
196	4.620-2006	2006	Madre de Dios	Newport
197	2.650-2006	2006	Ancash	Newport
198	1.034-2007	2006	Lima	Enteritidis
199	1.102-2007	2006	Lima	Newport
200	2.605-2007	2007	La libertad	Mbandaka
201	1.631-2007	2007	Lima	Mbandaka
202	3.644-2007	2007	Lima	Mbandaka
203	3.645-2007	2007	Lima	Mbandaka
204	3.649-2007	2007	Lima	Mbandaka
205	1.655-2007	2007	Lima	Mbandaka
206	1.656-2007	2007	Lima	Mbandaka
207	3.658-2007	2007	Lima	Mbandaka
208	2.607-2007	2007	La Libertad	Mbandaka
209	3.659-2007	2007	Lima	Mbandaka
210	3.660-2007	2007	Lima	Typhimurium
211	3.777-2007	2007	Lima	Mbandaka
212	3.774-2007	2007	Lima	Mbandaka
213	3.776-2007	2007	Lima	Mbandaka
214	2.832-2007	2007	Lambayeque	Enteritidis
215	1.844-2007	2007	Lima	Typhimurium
216	1.864-2007	2007	Lima	Enteritidis
217	1.868-2007	2007	Lima	Paratyphi B
218	3.893-2007	2007	Lima	Typhimurium

219	1.915-2007	2007	Lima	Hadar
220	3.940-2007	2007	Lima	Enteritidis
221	3.941-2007	2007	Lima	Mbandaka
222	3.943-2007	2007	Lima	Mbandaka
223	3.944-2007	2007	Lima	Mbandaka
224	3.945-2007	2007	Lima	Agona
225	2.959-2007	2007	Junin	Typhimurium
226	2.962-2007	2007	Junin	Enteritidis
227	1.1006-2007	2007	Lima	Enteritidis
228	1.1148-2007	2007	Lima	Enteritidis
229	1.1194-2007	2007	Lima	Enteritidis
230	1.1241-2007	2007	Lima	Newport
231	1.1268-2007	2007	Lima	Infantis
232	1.1270-2007	2007	Lima	Senftenberg
233	1.1271-2007	2007	Lima	Mbandaka
234	1.1273-2007	2007	Lima	Anatum
235	1.048-2007	2007	Lima	Newport
236	1.062-2007	2007	Lima	Newport
237	1.064-2007	2007	Lima	Enteritidis
238	1.119-2007	2007	Lima	Newport
239	1.121-2007	2007	Lima	Newport
240	2.125-2007	2007	La Libertad	Enteritidis
241	2.127-2007	2007	La Libertad	Newport
242	1.128-2007	2007	Lima	Newport
243	1.193-2007	2007	Lima	Enteritidis
244	1.194-2007	2007	Lima	Enteritidis
245	1.195-2007	2007	Lima	Enteritidis
246	1.196-2007	2007	Lima	Mbandaka
247	1.197-2007	2007	Lima	Mbandaka
248	1.198-2007	2007	Lima	Newport
249	1.199-2007	2007	Lima	Newport
250	1.201-2007	2007	Lima	Newport
251	1.260-2007	2007	Lima	Newport
252	1.281-2007	2007	Lima	Enteritidis
253	2.311-2007	2007	Lambayeque	Newport
254	2.374-2007	2007	Ica	Mbandaka
255	2.377-2007	2007	Ica	Enteritidis
256	1.418-2007	2007	Lima	Newport
257	1.423-2007	2007	Lima	Enteritidis
258	2.442-2007	2007	La Libertad	Mbandaka
259	3.452-2007	2007	Lima	Mbandaka
260	2.453-2007	2007	Ica	Newport
261	1.464-2007	2007	Lima	Mbandaka
262	1.490-2007	2007	Lima	Enteritidis
263	1.548-2007	2007	Lima	Mbandaka
264	1.562-2007	2007	Lima	Mbandaka
265	1.583-2007	2007	Lima	Enteritidis
266	1.972-2008	2008	Lima	Newport
267	1.985-2008	2008	Lima	Braenderup
268	1.1038-2008	2008	Lima	Braenderup
269	3.1067-2008	2008	Lima	Oranienburg
270	1.1156-2008	2008	Lima	Newport
271	3.084-2008	2008	Lima	Enteritidis
272	2.168-2008	2008	Madre de Dios	Typhimurium
273	2.171-2008	2008	Madre de Dios	Enteritidis
274	1.185-2008	2008	Lima	Enteritidis
275	2.226-2008	2008	Cajamarca	Enteritidis
276	1.285-2008	2008	Lima	Rissen
277	1.292-2008	2008	Lima	Breda
278	1.324-2008	2008	Lima	Corvallis
279	1.019-2008	2008	Lima	Enteritidis
280	1.020-2008	2008	Lima	Enteritidis
281	3.085-2008	2008	Lima	Typhimurium
282	3.087-2008	2008	Lima	Panama
283	3.124-2008	2008	Lima	Enteritidis
284	2.167-2008	2008	Madre de Dios	Enteritidis
285	1.200-2008	2008	Lima	Newport
286	1.212-2008	2008	Lima	Paratyphi A
287	1.231-2008	2008	Lima	Typhimurium
288	1.245-2008	2008	Lima	Paratyphi B
289	1.362-2008	2008	Lima	Enteritidis
290	1.357-2008	2008	Lima	Enteritidis
291	1.398-2008	2008	Lima	Corvallis
292	1.399-2008	2008	Lima	Enteritidis
293	1.404-2008	2008	Lima	Enteritidis
294	1.413-2008	2008	Lima	Infantis

295	1.426-2008	2008	Lima	Infantis
296	1.436-2008	2008	Lima	Enteritidis
297	1.485-2008	2008	Lima	Corvallis
298	1.488-2008	2008	Lima	Corvallis
299	2.513-2008	2008	Lambayeque	Typhimurium
300	1.534-2008	2008	Lima	Braenderup
301	1.596-2008	2008	Lima	Oranienburg
302	2.620-2008	2008	Junin	Enteritidis
303	1.647-2008	2008	Lima	Typhimurium
304	2.655-2008	2008	La Libertad	Typhimurium
305	2.656-2008	2008	La Libertad	Typhimurium
306	1.692-2008	2008	Lima	Infantis
307	2.693-2008	2008	Arequipa	Braenderup
308	1.699-2008	2008	Lima	Braenderup
309	2.737-2008	2008	Ancash	Typhimurium
310	2.742-2008	2008	Lambayeque	Enteritidis
311	2.778-2008	2008	La Libertad	Braenderup
312	1.784-2008	2008	Lima	Newport
313	1.799-2008	2008	Ucayali	Oranienburg
314	1.813-2008	2008	Lima	Newport
315	2.843-2008	2008	Lambayeque	Newport
316	3.887-2008	2008	Lima	Newport
317	3.888-2008	2008	Lima	Newport
318	3.051-2009	2009	Lima	Typhimurium
319	3.052-2009	2009	Lima	Enteritidis
320	3.053-2009	2009	Lima	Newport
321	2.054-2009	2009	Arequipa	Newport
322	1.058-2009	2009	Lima	Newport
323	1.073-2009	2009	Lima	Oranienburg
324	1.131-2009	2009	Lima	Newport
325	2.163-2009	2009	Cajamarca	Enteritidis
326	3.165-2009	2009	-	Anatum
327	1.174-2009	2009	Lima	Newport
328	1.193-2009	2009	Lima	Newport
329	2.194-2009	2009	Ancash	Typhimurium
330	1.205-2009	2009	Lima	Mbandaka
331	1.263-2009	2009	Lima	Oranienburg
332	2.290-2009	2009	La Libertad	Oranienburg
333	1.318-2009	2009	Lima	Rissen
334	1.322-2009	2009	Lima	Enteritidis
335	1.327-2009	2009	Lima	Oranienburg
336	3.334-2009	2009	Lima	Kentucky
337	1.344-2009	2009	Lima	Kentucky
338	1.346-2009	2009	Lima	Kentucky
339	2.445-2009	2009	Ancash	Oranienburg
340	3.454-2009	2009	Lima	Enteritidis
341	1.474-1999	2009	Lima	Enteritidis
342	3.511-2009	2009	Lima	Corvallis
343	3.512-2009	2009	Lima	Mbandaka
344	3.513-2009	2009	Lima	Corvallis
345	3.514-2009	2009	Lima	Kentucky
346	3.515-2009	2009	Lima	Mbandaka
347	3.516-2009	2009	Lima	Hadar
348	3.517-2009	2009	Lima	Kentucky
349	3.544-2009	2009	Lima	Mbandaka
350	3.545-2009	2009	Lima	Corvallis
351	3.546-2009	2009	Lima	Infantis
352	3.547-2009	2009	Lima	Corvallis
353	1.551-2009	2009	Lima	Corvallis
354	3.573-2009	2009	Lima	Infantis
355	3.574-2009	2009	Lima	Mbandaka
356	3.575-2009	2009	Lima	Senftenberg
357	1.614-2009	2009	Lima	Senftenberg
358	1.635-2009	2009	Lima	Newport
359	1.686-2009	2009	Lima	Hadar
360	1.696-2009	2009	Lima	Mbandaka
361	1.719-2009	2009	Lima	Enteritidis
362	1.780-2009	2009	Lima	Enteritidis
363	1.155-2010	2009	Lima	Typhimurium
364	1.016-2010	2010	Lima	Typhimurium
365	1.033-2010	2010	Lima	Infantis
366	1.047-2010	2010	Lima	Typhimurium
367	1.049-2010	2010	Lima	Mbandaka
368	1.109-2010	2010	Lima	Typhimurium
369	1.138-2010	2010	Lima	Typhimurium
370	1.151-2010	2010	Lima	Typhimurium

371	1.152-2010	2010	Lima	Enteritidis
372	1.159-2010	2010	Lima	Enteritidis
373	1.167-2010	2010	Lima	Enteritidis
374	1.170-2010	2010	Lima	Infantis
375	1.174-2010	2010	Lima	Infantis
376	1.175-2010	2010	Lima	Infantis
377	1.176-2010	2010	Lima	Infantis
378	3.194-2010	2010	Lima	Infantis
379	3.195-2010	2010	Lima	Enteritidis
380	1.199-2010	2010	Lima	Infantis
381	2.204-2010	2010	Cajamarca	Infantis
382	2.205-2010	2010	Cajamarca	Agona
383	2.212-2010	2010	Lima	Infantis
384	2.214-2010	2010	Lima	Infantis
385	2.225-2010	2010	Lima	Infantis
386	1.231-2010	2010	Lima	Infantis
387	1.232-2010	2010	Lima	Infantis
388	1.243-2010	2010	Lima	Infantis
389	1.253-2010	2010	Lima	Enteritidis
390	1.259-2010	2010	Lima	Enteritidis
391	1.265-2010	2010	Lima	Enteritidis
392	1.294-2010	2010	Lima	Infantis
393	3.296-2010	2010	Huanuco	Typhimurium
394	1.298-2010	2010	Lima	Typhimurium
395	1.324-2010	2010	Lima	Enteritidis
396	1.355-2010	2010	Lima	Infantis
397	1.359-2010	2010	Lima	Infantis
398	1.367-2010	2010	La Libertad	Typhimurium
399	1.372-2010	2010	Lima	Paratyphi A
400	1.391-2010	2010	Lima	Typhimurium
401	3.395-2010	2010	Lima	Infantis
402	3.397-2010	2010	Lima	Infantis
403	3.398-2010	2010	Lima	Infantis
404	3.400-2010	2010	Lima	Infantis
405	3.401-2010	2010	Lima	Infantis
406	3.403-2010	2010	Lima	Infantis
407	3.405-2010	2010	Lima	Infantis
408	1.423-2010	2010	Lima	Infantis
409	1.437-2010	2010	Lima	Anatum
410	1.438-2010	2010	Lima	Anatum
411	1.439-2010	2010	Lima	Infantis
412	1.441-2010	2010	Lima	Infantis
413	1.442-2010	2010	Lima	Infantis
414	2.445-2010	2010	Lambayeque	Infantis
415	2.449-2010	2010	Lambayeque	Infantis
416	1.460-2010	2010	Lima	Infantis
417	1.461-2010	2010	Lima	Mbandaka
418	1.473-2010	2010	Lima	Infantis
419	1.480-2010	2010	Lima	Infantis
420	1.528-2010	2010	Lima	Infantis
421	1.530-2010	2010	Lima	Infantis
422	1.532-2010	2010	Lima	Infantis
423	1.535-2010	2010	Lima	Infantis
424	1.536-2010	2010	Lima	Infantis
425	1.546-2010	2010	Lima	Enteritidis
426	3.547-2010	2010	Lima	Enteritidis
427	1.548-2010	2010	Lima	Senftenberg
428	1.550-2010	2010	Lima	Infantis
429	1.551-2010	2010	Lima	Infantis
430	1.556-2010	2010	Lima	Infantis
431	1.557-2010	2010	Lima	Infantis
432	3.561-2010	2010	Lima	Infantis
433	3.562-2010	2010	Lima	Infantis
434	3.563-2010	2010	Lima	Kentucky
435	3.564-2010	2010	Lima	Mbandaka
436	3.565-2010	2010	Lima	Mbandaka
437	3.566-2010	2010	Lima	Albany
438	3.567-2010	2010	Lima	Infantis
439	3.568-2010	2010	Lima	Infantis
440	1.569-2010	2010	Lima	Enteritidis
441	1.571-2010	2010	Lima	Infantis
442	1.572-2010	2010	Lima	Infantis
443	1.576-2010	2010	Lima	Agona
444	1.580-2010	2010	Lima	Infantis
445	1.581-2010	2010	Lima	Typhimurium
446	1.582-2010	2010	Lima	Infantis

447	3.590-2010	2010	Lima	Infantis
448	3.591-2010	2010	Lima	Infantis
449	1.595-2010	2010	Lima	Enteritidis
450	1.599-2010	2010	Lima	Enteritidis
451	1.606-2010	2010	Cajamarca	Mbandaka
452	1.620-2010	2010	Lima	Infantis
453	1.621-2010	2010	Lima	Infantis
454	1.622-2010	2010	Lima	Enteritidis
455	1.631-2010	2010	Lima	Enteritidis
456	2.646-2010	2010	La Libertad	Enteritidis
457	2.649-2010	2010	La Libertad	Enteritidis
458	2.666-2010	2010	Lima	Infantis
459	2.670-2010	2010	Ayacucho	Paratyphi B
460	1.678-2010	2010	Lima	Infantis
461	1.001-2011	2010	Lima	Enteritidis
462	1.023-2011	2011	Lima	Enteritidis
463	1.024-2011	2011	Lima	Typhimurium
464	1.025-2011	2011	Lima	Typhimurium
465	1.045-2011	2011	Lima	Infantis
466	2.094-2011	2011	Tacna	Infantis
467	1.176-2011	2011	Lima	Infantis
468	1.183-2011	2011	Lima	Infantis
469	1.197-2011	2011	Lima	Infantis
470	1.201-2011	2011	Lima	Infantis
471	1.211-2011	2011	Lima	Infantis
472	1.212-2011	2011	Lima	Anatum
473	1.213-2011	2011	Lima	Anatum
474	1.214-2011	2011	Lima	Infantis
475	1.215-2011	2011	Lima	Infantis
476	1.217-2011	2011	Lima	Infantis
477	1.262-2011	2011	Lima	Infantis
478	1.274-2011	2011	Lima	Infantis
479	1.276-2011	2011	Lima	Infantis
480	1.289-2011	2011	Lima	Infantis
481	1.298-2011	2011	Lima	Infantis
482	1.309-2011	2011	Lima	Infantis
483	1.317-2011	2011	La Libertad	Infantis
484	1.318-2011	2011	La Libertad	Infantis
485	1.319-2011	2011	La Libertad	Infantis
486	1.327-2011	2011	Lambayeque	Infantis
487	1.335-2011	2011	Lima	Infantis
488	1.337-2011	2011	Lima	Infantis
489	1.341-2011	2011	Cajamarca	Infantis
490	1.385-2011	2011	Lima	Infantis
491	1.386-2011	2011	Lima	Enteritidis
492	1.392-2011	2011	Lima	Infantis
493	1.393-2011	2011	Lima	Infantis
494	1.417-2011	2011	Lima	Infantis
495	1.421-2011	2011	Lima	Infantis
496	1.423-2011	2011	Lima	Infantis
497	1.424-2011	2011	Lima	Enteritidis
498	1.437-2011	2011	Lima	Infantis
499	1.447-2011	2011	Lima	Typhimurium
500	2.509-2011	2011	Ayacucho	Infantis
501	1.536-2011	2011	Lima	Infantis
502	1.577-2011	2011	Lima	Typhimurium
503	1.578-2011	2011	Lima	Infantis
504	1.580-2011	2011	Lima	Typhimurium
505	1.598-2011	2011	La Libertad	Infantis
506	6.069-2011	2011	Piura	Infantis
507	1.002-2011	2011	Lima	Albany
508	1.009-2011	2011	Lima	Infantis
509	1.364-2012	2012	Lima	Enteritidis
510	1.388-2012	2012	Lima	Enteritidis
511	1.410-2012	2012	Lima	Typhimurium
512	1.425-2012	2012	Lima	Typhimurium
513	1.448-2012	2012	Lima	Enteritidis
514	1.465-2012	2012	Lima	Infantis
515	3.475-2012	2012	Lima	Infantis
516	1.516-2012	2012	Lima	Infantis
517	1.540-2012	2012	Lima	Infantis
518	1.552-2012	2012	Lima	Infantis
519	1.555-2012	2012	Lima	Infantis
520	1.574-2012	2012	Lima	Infantis
521	1.576-2012	2012	Lima	Enteritidis
522	1.577-2012	2012	Lima	Typhimurium

523	2.579-2012	2012	Lambayeque	Enteritidis
524	2.580-2012	2012	Lambayeque	Enteritidis
525	2.582-2012	2012	Lambayeque	Enteritidis
526	2.583-2012	2012	Lambayeque	Enteritidis
527	2.584-2012	2012	Lambayeque	Enteritidis
528	2.587-2012	2012	Lambayeque	Enteritidis
529	2.589-2012	2012	Lambayeque	Enteritidis
530	2.590-2012	2012	Lambayeque	Enteritidis
531	1.598-2012	2012	Lima	Enteritidis
532	1.613-2012	2012	Lima	Infantis
533	1.614-2012	2012	Lima	Enteritidis
534	1.615-2012	2012	Lima	Enteritidis
535	3.634-2012	2012	Lima	Infantis
536	1.648-2012	2012	Lima	Infantis
537	1.674-2012	2012	Lima	Enteritidis
538	1.687-2012	2012	Lima	Infantis
539	1.688-2012	2012	Lima	Enteritidis
540	1.696-2012	2012	Lima	Infantis
541	1.698-2012	2012	Lima	Typhimurium
542	1.699-2012	2012	Lima	Infantis
543	1.725-2012	2012	Lima	Infantis
544	1.726-2012	2012	Lima	Typhimurium
545	1.728-2012	2012	Lima	Typhimurium
546	1.743-2012	2012	Lima	Infantis
547	1.750-2012	2012	Lima	Infantis
548	1.751-2012	2012	Lima	Infantis
549	1.780-2012	2012	Lima	Infantis
550	1.782-2012	2012	Lima	Infantis
551	1.783-2012	2012	Lima	Typhimurium
552	1.787-2012	2012	Lima	Infantis
553	1.790-2012	2012	Lima	Enteritidis
554	1.794-2012	2012	Lima	Enteritidis
555	1.798-2012	2012	Lima	Enteritidis
556	1.002-2012	2012	Lima	Enteritidis
557	2.012-2012	2012	Ancash	Enteritidis
558	1.031-2012	2012	Lima	Infantis
559	1.032-2012	2012	Lima	Infantis
560	1.063-2012	2012	Lima	Enteritidis
561	1.064-2012	2012	Lima	Enteritidis
562	1.103-2012	2012	Lima	Ohio
563	1.124-2012	2012	Lima	Ohio
564	1.130-2012	2012	Lima	Enteritidis
565	2.171-2012	2012	Tumbes	Enteritidis
566	2.174-2012	2012	Tumbes	Enteritidis
567	2.179-2012	2012	Tumbes	Enteritidis
568	2.180-2012	2012	Tumbes	Enteritidis
569	2.181-2012	2012	Tumbes	Enteritidis
570	1.211-2012	2012	Lima	Enteritidis
571	1.253-2012	2012	Lima	Infantis
572	1.254-2012	2012	Lima	Typhimurium
573	4.294-2012	2012	Ica	Infantis
574	4.295-2012	2012	Ica	Infantis
575	1.296-2012	2012	Ica	Typhimurium
576	1.298-2012	2012	Callao	Enteritidis
577	1.327-2012	2012	Lima	Enteritidis
578	2.331-2012	2012	Cajamarca	Enteritidis
579	1.335-2012	2012	Lima	Enteritidis
580	1.337-2012	2012	Lima	Enteritidis
581	1.342-2012	2012	Lima	Enteritidis
582	1.344-2012	2012	Lima	Enteritidis
583	1.348-2012	2012	Lima	Enteritidis
584	1.350-2012	2012	Lima	Enteritidis
585	1.352-2012	2012	Lima	Enteritidis
586	1.353-2012	2012	Lima	Enteritidis
587	1.355-2012	2012	Lima	Enteritidis
588	1.357-2012	2012	Lima	Enteritidis
589	1.359-2012	2012	Lima	Enteritidis
590	2.358-2013	2013	Ancash	Enteritidis
591	1.365-2013	2013	Lima	Infantis
592	1.367-2013	2013	Lima	Infantis
593	1.370-2013	2013	Callao	Typhimurium
594	1.375-2013	2013	Lima	Infantis
595	1.376-2013	2013	Lima	Enteritidis
596	1.378-2013	2013	Lima	Enteritidis
597	1.380-2013	2013	Lima	Infantis
598	2.390-2013	2013	Apurímac	Enteritidis

599	2.393-2013	2013	Apurímac	Enteritidis
600	1.394-2013	2013	Lima	Infantis
601	1.407-2013	2013	Lima	Infantis
602	2.429-2013	2013	La Libertad	Infantis
603	1.431-2013	2013	Lima	Infantis
604	1.432-2013	2013	Lima	Infantis
605	4.442-2013	2013	Ica	Typhimurium
606	4.443-2013	2013	Ica	Typhimurium
607	2.444-2013	2013	Ica	Typhimurium
608	1.456-2013	2013	Lima	Infantis
609	1.463-2013	2013	Lima	Enteritidis
610	1.470-2013	2013	Lima	Infantis
611	1.515-2013	2013	Lima	Enteritidis
612	1.518-2013	2013	Lima	Saintpaul
613	1.526-2013	2013	Lima	Infantis
614	1.537-2013	2013	Callao	Enteritidis
615	1.577-2013	2013	Lima	Enteritidis
616	1.592-2013	2013	Lima	Typhimurium
617	1.594-2013	2013	Lima	Typhimurium
618	1.603-2013	2013	Lima	Enteritidis
619	1.604-2013	2013	Lima	Enteritidis
620	1.607-2013	2013	Lima	Typhimurium
621	3.002-2013	2013	Lima	Infantis
622	1.007-2013	2013	Lima	Infantis
623	1.008-2013	2013	Lima	Infantis
624	1.016-2013	2013	Lima	Infantis
625	1.023-2013	2013	Lima	Infantis
626	1.036-2013	2013	Lima	Infantis
627	1.044-2013	2013	Lima	Infantis
628	1.046-2013	2013	Lima	Infantis
629	1.114-2013	2013	Lima	Enteritidis
630	1.116-2013	2013	Lima	Infantis
631	1.117-2013	2013	Lima	Typhimurium
632	1.118-2013	2013	Lima	Enteritidis
633	1.122-2013	2013	Lima	Typhimurium
634	1.123-2013	2013	Lima	Enteritidis
635	1.124-2013	2013	Lima	Infantis
636	1.125-2013	2013	Lima	Enteritidis
637	1.127-2013	2013	Lima	Enteritidis
638	1.129-2013	2013	Lima	Typhimurium
639	1.130-2013	2013	Lima	Enteritidis
640	1.134-2013	2013	Lima	Enteritidis
641	1.139-2013	2013	Lima	Enteritidis
642	1.142-2013	2013	Lima	Enteritidis
643	1.143-2013	2013	Lima	Enteritidis
644	1.145-2013	2013	Lima	Enteritidis
645	1.147-2013	2013	Lima	Enteritidis
646	1.150-2013	2013	Lima	Typhimurium
647	1.182-2013	2013	Lima	Agona
648	1.184-2013	2013	Lima	Infantis
649	1.191-2013	2013	Lima	Infantis
650	1.210-2013	2013	Lima	Infantis
651	2.248-2013	2013	La Libertad	Infantis
652	1.259-2013	2013	Callao	Infantis
653	1.275-2013	2013	Lima	Derby
654	1.306-2013	2013	Callao	Infantis
655	1.309-2013	2013	Callao	Infantis
656	1.311-2013	2013	Callao	Infantis
657	1.338-2013	2013	Lima	Infantis
658	1.341-2013	2013	Lima	Newport
659	2.355-2013	2013	Ancash	Enteritidis
660	2.357-2013	2013	Ancash	Enteritidis
661	1.029-2014	2014	Lima	Typhimurium
662	1.036-2014	2014	Lima	Enteritidis
663	1.037-2014	2014	Lima	Infantis
664	1.048-2014	2014	Lima	Enteritidis
665	1.073-2014	2014	Lima	Infantis
666	1.079-2014	2014	Lima	Infantis
667	1.163-2014	2014	Lima	Infantis
668	1.182-2014	2014	Lima	Infantis
669	1.194-2014	2014	Lima	Infantis
670	2.196-2014	2014	Cajamarca	Enteritidis
671	1.269-2014	2014	Lima	Infantis
672	1.271-2014	2014	Lima	Enteritidis
673	1.285-2014	2014	Lima	Infantis
674	1.330-2014	2014	Lima	Typhimurium

675	1.343-2014	2014	Lima	Infantis
676	1.350-2014	2014	Lima	Infantis
677	1.475-2014	2014	Lima	Infantis
678	1.476-2014	2014	Lima	Infantis
679	1.477-2014	2014	Lima	Anatum
680	1.489-2014	2014	Lima	Enteritidis
681	1.490-2014	2014	Lima	Enteritidis
682	1.565-2014	2014	Lima	Infantis
683	2.578-2014	2014	Cajamarca	Enteritidis
684	1.595-2014	2014	Lima	Infantis
685	1.605-2014	2014	Lima	Infantis
686	1.615-2014	2014	Lima	Infantis
687	1.628-2014	2014	Lima	Infantis
688	1.635-2014	2014	Lima	Infantis
689	1.644-2014	2014	Lima	Infantis
690	1.649-2014	2014	Lima	Anatum
691	1.668-2014	2014	Lima	Infantis
692	1.670-2014	2014	Lima	Enteritidis
693	1.671-2014	2014	Lima	Infantis
694	1.674-2014	2014	Lima	Infantis
695	1.686-2014	2014	Lima	Infantis
696	1.688-2014	2014	Lima	Infantis
697	1.693-2014	2014	Lima	Enteritidis
698	1.695-2014	2014	Lima	Infantis
699	1.799-2014	2014	Lima	Infantis
700	1.813-2014	2014	Lima	Typhimurium
701	1.991-2014	2014	Lima	Paratyphi B
702	1.154-2015	2015	Lima	Infantis
703	1.157-2015	2015	Lima	Infantis
704	1.165-2015	2015	Lima	Typhimurium
705	1.166-2015	2015	Lima	Typhimurium
706	1.167-2015	2015	Lima	Enteritidis
707	1.173-2015	2015	Lima	Infantis
708	1.175-2015	2015	Lima	Typhimurium
709	1.176-2015	2015	Lima	Enteritidis
710	1.177-2015	2015	Lima	Infantis
711	1.181-2015	2015	Lima	Infantis
712	1.215-2015	2015	Lima	Enteritidis
713	1.331-2015	2015	Lima	Paratyphi B
714	1.333-2015	2015	Lima	Enteritidis
715	1.335-2015	2015	Lima	Infantis
716	1.336-2015	2015	Lima	Infantis
717	1.338-2015	2015	Lima	Infantis
718	1.339-2015	2015	Lima	Typhimurium
719	6.383-2015	2015	Lima	Enteritidis
720	2.402-2015	2015	Ancash	Typhimurium
721	2.406-2015	2015	Lima	Infantis
722	2.440-2015	2015	Lambayeque	Enteritidis
723	2.442-2015	2015	Lambayeque	Enteritidis
724	1.453-2015	2015	Lima	Enteritidis
725	1.454-2015	2015	Lima	Infantis
726	1.455-2015	2015	Lima	Typhimurium
727	1.457-2015	2015	Lima	Infantis
728	1.458-2015	2015	Lima	Enteritidis
729	1.472-2015	2015	Lima	Enteritidis
730	1.476-2015	2015	Lima	Infantis
731	1.486-2015	2015	Lima	Infantis
732	1.524-2015	2015	Lima	Typhimurium
733	1.525-2015	2015	Lima	Enteritidis
734	1.530-2015	2015	Apurimac	Typhimurium
735	1.533-2015	2015	Lima	Enteritidis
736	1.626-2015	2015	Lima	Enteritidis
737	1.627-2015	2015	Lima	Infantis
738	1.027-2016	2015	Lima	Typhimurium
739	1.086-2016	2015	Lima	Typhimurium
740	1.002-2015	2015	Lima	Enteritidis
741	1.009-2015	2015	Lima	Enteritidis
742	1.013-2015	2015	Lima	Agona
743	1.026-2015	2015	Lima	Typhimurium
744	1.029-2015	2015	Lima	Enteritidis
745	1.030-2015	2015	Lima	Infantis
746	1.037-2015	2015	Lima	Infantis
747	1.038-2015	2015	Lima	Enteritidis
748	1.060-2015	2015	Lima	Enteritidis
749	1.061-2015	2015	Lima	Typhimurium
750	1.066-2015	2015	Lima	Infantis

751	1.079-2015	2015	Lima	Agona
752	1.080-2015	2015	Lima	Infantis
753	1.083-2015	2015	Lima	Infantis
754	1.085-2015	2015	Lima	Infantis
755	1.086-2015	2015	Lima	Enteritidis
756	1.103-2015	2015	Lima	Infantis
757	1.107-2015	2015	Lima	Infantis
758	1.108-2015	2015	Lima	Infantis
759	1.113-2015	2015	Lima	Typhimurium
760	1.122-2015	2015	Lima	Enteritidis
761	1.126-2015	2015	Lima	Infantis
762	1.131-2015	2015	Lima	Infantis
763	3.172-2016	2016	Lima	Newport
764	3.173-2016	2016	Lima	Typhimurium
765	1.187-2016	2016	Lima	Enteritidis
766	1.193-2016	2016	Lima	Enteritidis
767	1.198-2016	2016	Lima	Enteritidis
768	2.205-2016	2016	Cajamarca	Enteritidis
769	1.234-2016	2016	Lima	Newport
770	1.240-2016	2016	Apurimac	Newport
771	3.283-2016	2016	Callao	Newport
772	3.293-2016	2016	Callao	Anatum
773	3.294-2016	2016	Lima	Anatum
774	1.303-2016	2016	Lima	Brandenburg
775	2.318-2016	2016	Lima	Enteritidis
776	1.368-2016	2016	Lima	Infantis
777	3.371-2016	2016	Lima	Senftenberg
778	3.373-2016	2016	Lima	Senftenberg
779	3.374-2016	2016	Lima	Newport
780	3.375-2016	2016	Lima	Newport
781	1.395-2016	2016	Lima	Typhimurium
782	1.398-2016	2016	Lima	Dublin
783	2.400-2016	2016	Cajamarca	Enteritidis
784	1.428-2016	2016	Lima	Enteritidis
785	1.429-2016	2016	Lima	Dublin
786	1.450-2016	2016	Lima	Dublin
787	1.461-2016	2016	Lima	Typhimurium
788	1.469-2016	2016	Lima	Typhimurium
789	1.471-2016	2016	Lima	Corvallis
790	1.484-2016	2016	Lima	Enteritidis
791	4.492-2016	2016	Cusco	Typhimurium
792	1.500-2016	2016	Lima	Enteritidis
793	1.506-2016	2016	Lima	Typhimurium
794	1.010-2017	2016	Lima	Enteritidis
795	1.565-2016	2016	Lima	Dublin
796	1.575-2016	2016	Lima	Derby
797	1.595-2016	2016	Lima	Kentucky
798	1.596-2016	2016	Lima	Kentucky
799	1.119-2017	2017	Lima	Typhimurium
800	1.124-2017	2017	Lima	Typhimurium
801	1.127-2017	2017	Lima	Enteritidis
802	1.181-2017	2017	Lima	Corvallis
803	1.004-2017	2017	Lima	Typhimurium
804	1.024-2017	2017	Lima	Enteritidis
805	1.043-2017	2017	Lima	Typhimurium
806	3.049-2017	2017	Lima	Typhimurium
807	3.054-2017	2017	Lima	Enteritidis
808	3.055-2017	2017	Lima	Enteritidis
809	1.057-2017	2017	Lima	Dublin
810	2.066-2017	2017	Lambayeque	Corvallis
811	2.067-2017	2017	Lambayeque	Kentucky
812	1.184-2017	2017	Lima	Enteritidis
813	1.185-2017	2017	Lima	Typhimurium
814	1.191-2017	2017	Lima	Corvallis
815	3.205-2017	2017	Lima	Senftenberg
816	6.199-2017	2017	Piura	Agona
817	1.207-2017	2017	Lima	Enteritidis
818	3.266-2017	2017	Lima	Gallinarum
819	1.286-2017	2017	Lima	Corvallis
820	1.293-2017	2017	Lima	Corvallis
821	3.562-2017	2017	Lima	Senftenberg
822	3.563-2017	2017	Lima	Senftenberg
823	3.564-2017	2017	Lima	Cerro
824	3.565-2017	2017	Lima	Typhimurium
825	3.566-2017	2017	Lima	Typhimurium
826	3.567-2017	2017	Lima	Cerro

827	3.568-2017	2017	Lima	Cerro
828	3.569-2017	2017	Lima	Enteritidis
829	3.570-2017	2017	Lima	Enteritidis
830	3.574-2017	2017	Lima	Mbandaka
831	3.575-2017	2017	Lima	Agona
832	3.579-2017	2017	Lima	Havana
833	3.581-2017	2017	Lima	Havana
834	3.582-2017	2017	Lima	Senftenberg
835	3.583-2017	2017	Lima	Senftenberg
836	3.584-2017	2017	Lima	Senftenberg
837	3.588-2017	2017	Lima	Infantis
838	3.592-2017	2017	Lima	Gallinarum
839	3.594-2017	2017	Lima	Gallinarum
840	3.596-2017	2017	Lima	Gallinarum
841	3.595-2017	2017	Lima	Gallinarum
842	3.742-2017	2017	Lima	Infantis

-: Dato no disponible

Anexo 2. Acta de aprobación de proyecto por el comité de ética

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS
(Universidad del Perú, DECANA DE AMÉRICA)
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

COMITÉ DE BIOÉTICA DE LA FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS

ACTA DE APROBACIÓN DE PROYECTO

CÓDIGO: N° 030-2022-CB-FCB-UNMSM

FECHA: 21 de noviembre 2022

PROYECTO: Filogenómica y resistencia antimicrobiana de aislados humanos de Salmonella enterica no tífica circulantes en Perú durante el periodo 2000-2019

INVESTIGADOR SOLICITANTE: Mg. Junior Jair Caro Castro

TIPO DE PROYECTO: Proyecto de tesis para optar el Grado Académico de Doctor en Ciencias Biológicas

El Mg. Junior Jair Caro Castro, entregó al Comité de Bioética de la Facultad de Ciencias Biológicas una solicitud adjuntando toda la documentación completa el día 21 de noviembre, a fin de someter el Proyecto de tesis para optar el Grado Académico de Doctor en Ciencias Biológicas aprobado por la Unidad de Posgrado (UPG) de la Facultad de Ciencias Biológicas.

El proyecto y la documentación pertinente correspondiente fue enviada y evaluada de forma remota por todos los miembros del Comité de Bioética, quienes hicieron sus consultas y sugerencias en línea, cuyo levantamiento de observaciones fue realizada por el Mg. Junior Jair Caro Castro en calidad de responsable del proyecto en el siguiente documento:

https://docs.google.com/document/d/1L8esKJvscWww6_XfL5oro8tTb4tsYdUg/edit#

En la reunión virtual de fecha 14 de diciembre de 2022, el Comité acordó otorgar la aprobación del proyecto de acuerdo al cronograma presentado en el proyecto de Tesis de Doctorado aprobado por la UPG de Ciencias Biológicas.

En virtud de las consideraciones expuestas el comité otorga la **Aprobación** para la realización del estudio propuesto.

Ciudad Universitaria, 14 de diciembre de 2022

Dra. MARTHA VALDIVIA CUYA
PRESIDENTA

Dr. JOAN LARA AMAT Y LEÓN
SECRETARIO

Email: comitebioetica.biologia@unmsm.edu.pe

Anexo 3. Perfil de susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella* no tifoidea por cepa analizada en este estudio.

Nro de orden	Código del aislado	AM		C		CIP		SXT		CTX		NA		AMC		N		TE		CAZ		IMI		MER	
1	3.119-1999	24	S	25	S	31	S	6	R	30	S	22	S	25	S	21	S	20	S	25	S	26	S	30	S
2	3.105-1999	23	S	24	S	29	I	6	R	28	S	20	S	22	S	20	S	19	S	25	S	25	S	28	S
3	3.110-1999	23	S	25	S	27	I	6	R	28	S	21	S	25	S	20	S	20	S	26	S	27	S	30	S
4	3.112-1999	22	S	22	S	26	I	6	R	29	S	20	S	22	S	20	S	20	S	25	S	26	S	29	S
5	2.824-1999	25	S	25	S	28	I	6	R	27	S	21	S	24	S	14	R	20	S	27	S	25	S	29	S
6	3.056-1999	20	S	20	S	23	I	6	R	23	I	18	I	22	S	21	S	17	S	21	S	22	I	27	S
7	3.026-1999	18	S	20	S	26	I	6	R	25	I	18	I	22	S	21	S	17	S	23	S	23	S	25	S
8	2.236-1999	21	S	21	S	26	I	6	R	28	S	20	S	24	S	18	S	17	S	24	S	23	S	26	S
9	2.848-1999	25	S	23	S	28	I	6	R	29	S	18	I	24	S	16	I	20	S	25	S	25	S	29	S
10	2.840-1999	23	S	24	S	29	I	6	R	28	S	21	S	25	S	20	S	19	S	25	S	27	S	27	S
11	2.846-1999	21	S	23	S	28	I	6	R	27	S	19	S	22	S	14	R	20	S	23	S	25	S	27	S
12	2.838-1999	24	S	23	S	26	I	6	R	26	S	21	S	23	S	19	S	19	S	24	S	25	S	29	S
13	1.389-1999	19	S	22	S	30	I	6	R	26	S	21	S	24	S	20	S	17	S	24	S	25	S	26	S
14	1.480-1999	23	S	25	S	25	I	6	R	28	S	6	R	25	S	15	I	20	S	28	S	27	S	30	S
15	2.352-1999	22	S	21	S	27	I	6	R	28	S	21	S	25	S	15	I	20	S	26	S	24	S	27	S
16	2.694-1999	23	S	24	S	20	R	6	R	29	S	6	R	25	S	15	I	17	S	25	S	26	S	29	S
17	1.299-1999	22	S	24	S	27	I	6	R	31	S	21	S	24	S	14	R	19	S	25	S	27	S	27	S
18	2.834-1999	22	S	21	S	27	I	6	R	29	S	20	S	25	S	20	S	20	S	25	S	24	S	28	S
19	2.850-1999	21	S	25	S	26	I	6	R	27	S	20	S	24	S	16	I	19	S	25	S	27	S	26	S
20	2.852-1999	23	S	21	S	30	I	6	R	29	S	19	S	25	S	15	I	20	S	25	S	26	S	27	S
21	2.835-1999	22	S	25	S	28	I	6	R	29	S	18	I	23	S	10	R	20	S	24	S	25	S	27	S
22	2.849-1999	20	S	22	S	26	I	6	R	24	I	11	R	23	S	12	R	19	S	25	S	21	I	27	S
23	2.586-1999	20	S	22	S	25	I	20	S	24	I	19	S	22	S	20	S	18	S	23	S	25	S	25	S
24	2.588-1999	19	S	20	S	30	I	23	S	23	I	20	S	20	S	20	S	15	S	20	I	25	S	25	S
25	2.003-2000	22	S	25	S	30	I	28	S	28	S	19	S	21	S	20	S	17	S	22	S	24	S	27	S
26	2.055-2000	22	S	24	S	29	I	26	S	28	S	19	S	22	S	20	S	17	S	23	S	25	S	26	S
27	4.064-2000	22	S	24	S	26	I	25	S	26	S	20	S	21	S	19	S	17	S	22	S	25	S	25	S
28	1.615-2000	23	S	25	S	33	S	29	S	26	S	18	I	21	S	14	R	19	S	23	S	25	S	25	S
29	1.629-2000	29	S	27	S	34	S	20	S	25	I	17	I	22	S	19	S	17	S	23	S	22	I	25	S
30	2.674-2000	18	S	27	S	30	I	28	S	29	S	17	I	22	S	21	S	17	S	22	S	24	S	25	S
31	2.677-2000	22	S	26	S	32	S	23	S	26	S	17	I	23	S	21	S	19	S	23	S	23	S	25	S
32	2.066-2000	22	S	24	S	28	I	25	S	28	S	18	I	23	S	20	S	20	S	23	S	21	I	23	S
33	2.097-2000	21	S	22	S	26	I	26	S	25	I	17	I	20	S	15	I	20	S	23	S	25	S	27	S
34	2.240-2000	25	S	25	S	31	S	28	S	27	S	18	I	25	S	20	S	18	S	24	S	25	S	28	S
35	1.354-2000	23	S	24	S	30	I	30	S	26	S	16	I	21	S	13	R	20	S	25	S	25	S	27	S
36	2.390-2000	23	S	25	S	32	S	29	S	28	S	16	I	24	S	14	R	6	R	24	S	24	S	25	S
37	2.391-2000	23	S	25	S	32	S	30	S	26	S	17	I	23	S	13	R	6	R	21	S	26	S	26	S
38	2.393-2000	24	S	23	S	31	S	30	S	29	S	17	I	25	S	14	R	6	R	25	S	24	S	26	S
39	1.235-2000	23	S	25	S	31	S	28	S	28	S	16	I	21	S	14	R	20	S	25	S	24	S	26	S
40	2.394-2000	24	S	23	S	33	S	31	S	27	S	15	I	23	S	12	R	6	R	24	S	24	S	26	S
41	2.701-2000	21	S	26	S	28	I	28	S	29	S	21	S	22	S	27	S	19	S	22	S	23	S	23	S

42	2.823-2000	23	S	27	S	25	I	28	S	31	S	21	S	21	S	15	I	21	S	23	S	23	S	27	S
43	2.828-2000	23	S	28	S	24	I	27	S	27	S	20	S	25	S	18	S	10	R	26	S	27	S	27	S
44	2.830-2000	24	S	26	S	25	I	26	S	27	S	19	S	24	S	20	S	10	R	25	S	24	S	23	S
45	2.833-2000	19	S	28	S	29	I	27	S	6	R	21	S	19	S	18	S	20	S	20	I	25	S	27	S
46	2.917-2000	21	S	26	S	32	S	26	S	28	S	23	S	24	S	22	S	19	S	25	S	28	S	30	S
47	1.942-2000	24	S	25	S	30	I	26	S	9	R	21	S	23	S	18	S	19	S	23	S	26	S	28	S
48	1.944-2000	22	S	28	S	30	I	28	S	28	S	20	S	23	S	18	S	19	S	25	S	25	S	27	S
49	1.1028-2000	20	S	25	S	24	I	26	S	29	S	20	S	25	S	22	S	20	S	23	S	24	S	26	S
50	2.780-2000	22	S	27	S	31	S	27	S	29	S	21	S	23	S	20	S	20	S	25	S	26	S	29	S
51	2.817-2000	22	S	29	S	27	I	27	S	28	S	20	S	27	S	16	I	9	R	31	S	30	S	30	S
52	2.808-2000	21	S	26	S	32	S	26	S	30	S	22	S	25	S	20	S	22	S	26	S	26	S	29	S
53	2.812-2000	22	S	25	S	31	S	21	S	31	S	20	S	24	S	18	S	20	S	25	S	23	S	28	S
54	2.445-2001	22	S	23	S	33	S	25	S	27	S	20	S	24	S	17	S	20	S	28	S	26	S	28	S
55	2.455-2001	21	S	23	S	36	S	20	S	29	S	20	S	24	S	16	I	19	S	23	S	25	S	27	S
56	2.456-2001	21	S	24	S	34	S	25	S	27	S	20	S	24	S	15	I	19	S	25	S	28	S	30	S
57	1.358-2001	16	I	25	S	31	S	24	S	29	S	22	S	25	S	18	S	20	S	25	S	26	S	28	S
58	2.558-2001	22	S	22	S	29	I	25	S	27	S	20	S	24	S	15	I	20	S	25	S	26	S	30	S
59	2.566-2001	22	S	26	S	26	I	26	S	28	S	19	S	24	S	14	R	20	S	23	S	26	S	27	S
60	2.567-2001	21	S	28	S	27	I	26	S	28	S	18	I	24	S	17	S	20	S	23	S	26	S	27	S
61	1.607-2001	24	S	17	I	31	S	7	R	30	S	18	I	26	S	11	R	20	S	25	S	27	S	28	S
62	2.615-2001	24	S	23	S	33	S	31	S	27	S	15	I	23	S	12	R	6	R	24	S	24	S	26	S
63	2.629-2001	25	S	23	S	32	S	25	S	27	S	21	S	23	S	16	I	21	S	25	S	29	S	30	S
64	2.006-2001	20	S	24	S	26	I	28	S	28	S	19	S	24	S	22	S	20	S	24	S	24	S	25	S
65	2.007-2001	23	S	27	S	28	I	30	S	30	S	21	S	25	S	23	S	20	S	25	S	27	S	28	S
66	2.011-2001	22	S	24	S	27	I	27	S	25	I	21	S	23	S	19	S	18	S	24	S	24	S	28	S
67	2.004-2001	23	S	26	S	27	I	30	S	28	S	6	R	26	S	15	I	21	S	27	S	29	S	30	S
68	2.015-2001	21	S	23	S	26	I	27	S	27	S	6	R	21	S	11	R	20	S	25	S	28	S	28	S
69	2.121-2001	22	S	24	S	27	I	29	S	27	S	22	S	24	S	18	S	21	S	25	S	26	S	28	S
70	2.288-2001	23	S	24	S	32	S	30	S	30	S	6	R	25	S	10	R	19	S	25	S	28	S	30	S
71	1.676-2001	24	S	25	S	32	S	27	S	31	S	21	S	24	S	19	S	21	S	29	S	26	S	28	S
72	1.653-2001	6	R	6	R	30	I	17	S	13	R	21	S	25	S	20	S	23	S	23	S	26	S	28	S
73	2.814-2000	21	S	24	S	28	I	22	S	27	S	20	S	26	S	19	S	22	S	24	S	27	S	29	S
74	2.802-2001	21	S	24	S	30	I	23	S	29	S	22	S	25	S	18	S	21	S	25	S	28	S	29	S
75	2.816-2001	20	S	23	S	31	S	21	S	29	S	20	S	25	S	19	S	20	S	27	S	25	S	28	S
76	2.817-2001	22	S	29	S	27	I	27	S	30	S	21	S	24	S	16	I	20	S	26	S	25	S	26	S
77	2.836-2001	21	S	23	S	28	I	22	S	28	S	20	S	24	S	19	S	18	S	23	S	23	S	23	S
78	2.837-2001	20	S	22	S	29	I	24	S	30	S	20	S	25	S	19	S	21	S	24	S	24	S	28	S
79	2.838-2001	21	S	24	S	28	I	22	S	27	S	20	S	26	S	19	S	22	S	24	S	27	S	29	S
80	2.839-2001	21	S	24	S	30	I	23	S	29	S	22	S	25	S	18	S	21	S	25	S	28	S	29	S
81	2.842-2001	21	S	21	S	30	I	23	S	27	S	20	S	23	S	18	S	20	S	25	S	25	S	28	S
82	2.846-2001	22	S	20	S	29	I	23	S	28	S	20	S	23	S	15	I	20	S	25	S	27	S	28	S
83	2.847-2001	22	S	24	S	28	I	23	S	28	S	20	S	24	S	16	I	20	S	26	S	26	S	29	S
84	2.850-2001	22	S	24	S	28	I	24	S	29	S	20	S	25	S	15	I	21	S	24	S	27	S	30	S
85	2.853-2001	21	S	24	S	28	I	22	S	29	S	19	S	24	S	18	S	18	S	24	S	26	S	27	S
86	2.884-2001	21	S	22	S	25	I	6	R	22	R	20	S	23	S	21	S	17	S	23	S	25	S	25	S
87	1.960-2001	22	S	21	S	26	I	24	S	27	S	21	S	25	S	16	I	22	S	26	S	27	S	30	S

88	2.439-2001	20	S	23	S	32	S	27	S	27	S	19	S	23	S	16	I	20	S	27	S	25	S	27	S
89	2.186-2002	21	S	24	S	26	I	24	S	27	S	22	S	25	S	16	I	23	S	25	S	27	S	27	S
90	1.188-2002	22	S	24	S	31	S	25	S	30	S	19	S	27	S	17	S	23	S	26	S	28	S	30	S
91	1.032-2002	26	S	26	S	35	S	25	S	26	S	20	S	25	S	17	S	24	S	25	S	22	I	28	S
92	3.071-2002	26	S	26	S	35	S	25	S	26	S	20	S	25	S	17	S	24	S	25	S	22	I	28	S
93	2.089-2002	20	S	24	S	30	I	25	S	29	S	18	I	24	S	11	R	22	S	26	S	30	S	31	S
94	1.086-2002	20	S	25	S	30	I	24	S	26	S	20	S	22	S	12	R	23	S	23	S	27	S	27	S
95	1.084-2002	6	R	6	R	31	S	20	S	28	S	23	S	25	S	12	R	10	R	25	S	27	S	29	S
96	3.081-2002	6	R	6	R	31	S	20	S	28	S	23	S	25	S	12	R	10	R	25	S	27	S	29	S
97	2.137-2002	21	S	24	S	34	S	23	S	29	S	20	S	25	S	13	R	22	S	26	S	29	S	29	S
98	2.139-2002	21	S	24	S	34	S	23	S	29	S	20	S	25	S	13	R	22	S	26	S	29	S	29	S
99	2.149-2002	21	S	26	S	34	S	26	S	29	S	18	I	24	S	10	R	24	S	24	S	28	S	30	S
100	3.153-2002	23	S	25	S	31	S	24	S	26	S	21	S	23	S	13	R	19	S	23	S	27	S	27	S
101	3.154-2002	23	S	24	S	30	I	25	S	30	S	20	S	22	S	12	R	19	S	26	S	29	S	30	S
102	3.155-2002	23	S	24	S	30	I	25	S	27	S	20	S	25	S	17	S	19	S	25	S	29	S	30	S
103	2.225-2002	22	S	25	S	33	S	28	S	27	S	23	S	24	S	11	R	26	S	25	S	29	S	30	S
104	2.227-2002	22	S	25	S	36	S	26	S	27	S	24	S	26	S	17	S	24	S	25	S	29	S	30	S
105	3.250-2002	21	S	24	S	33	S	26	S	28	S	22	S	25	S	14	R	22	S	26	S	29	S	30	S
106	3.251-2002	23	S	26	S	35	S	29	S	27	S	23	S	24	S	10	R	24	S	25	S	29	S	30	S
107	1.363-2002	20	S	25	S	31	S	25	S	29	S	21	S	25	S	15	I	19	S	26	S	25	S	29	S
108	3.334-2002	20	S	24	S	36	S	27	S	30	S	23	S	26	S	17	S	19	S	26	S	28	S	30	S
109	2.383-2002	20	S	24	S	30	I	25	S	27	S	24	S	22	S	21	S	21	S	24	S	26	S	28	S
110	1.296-2002	22	S	22	S	30	I	28	S	30	S	22	S	24	S	20	S	22	S	27	S	26	S	31	S
111	2.284-2002	20	S	21	S	28	I	24	S	29	S	24	S	25	S	23	S	22	S	26	S	29	S	32	S
112	3.073-2003	22	S	22	S	30	I	28	S	30	S	22	S	24	S	20	S	22	S	27	S	26	S	31	S
113	3.143-2003	21	S	22	S	29	I	26	S	21	S	20	S	22	S	17	S	18	S	22	S	25	S	30	S
114	2.050-2003	23	S	21	S	30	I	25	S	26	S	24	S	6	R	20	S	17	S	25	S	20	I	23	S
115	2.383-2004	22	S	22	S	30	I	28	S	30	S	22	S	24	S	20	S	22	S	27	S	26	S	31	S
116	2.158-2005	21	S	24	S	30	I	24	S	28	S	23	S	24	S	17	S	20	S	25	S	23	S	27	S
117	2.169-2005	22	S	19	S	30	I	24	S	28	S	23	S	26	S	16	I	22	S	25	S	28	S	30	S
118	1.183-2005	22	S	25	S	25	I	25	S	27	S	6	R	24	S	18	S	20	S	23	S	25	S	28	S
119	1.190-2005	23	S	24	S	31	S	24	S	32	S	23	S	28	S	23	S	23	S	29	S	32	S	33	S
120	3.263-2005	22	S	24	S	31	S	24	S	26	S	22	S	24	S	23	S	21	S	25	S	28	S	29	S
121	3.264-2005	23	S	24	S	30	I	25	S	29	S	22	S	26	S	22	S	22	S	26	S	29	S	30	S
122	1.188-2005	22	S	22	S	30	I	22	S	29	S	21	S	24	S	22	S	22	S	24	S	28	S	30	S
123	1.256-2005	22	S	23	S	30	I	26	S	28	S	20	S	24	S	20	S	22	S	23	S	28	S	28	S
124	3.266-2005	23	S	24	S	30	I	25	S	27	S	23	S	24	S	21	S	21	S	**25**	S	28	S	28	S
125	3.268-2005	23	S	25	S	30	I	25	S	30	S	23	S	22	S	21	S	20	S	25	S	27	S	27	S
126	3.272-2005	21	S	24	S	30	I	27	S	28	S	21	S	25	S	22	S	20	S	25	S	27	S	30	S
127	3.273-2005	23	S	25	S	30	I	25	S	30	S	23	S	22	S	21	S	20	S	25	S	27	S	27	S
128	2.297-2005	20	S	24	S	29	I	22	S	28	S	23	S	24	S	22	S	19	S	25	S	26	S	26	S
129	1.339-2005	22	S	22	S	30	I	23	S	29	S	22	S	25	S	20	S	21	S	26	S	28	S	28	S
130	2.355-2005	20	S	20	S	29	I	21	S	30	S	21	S	25	S	21	S	21	S	24	S	26	S	29	S
131	4.410-2005	22	S	22	S	29	I	26	S	30	S	21	S	25	S	17	S	22	S	24	S	28	S	29	S
132	4.411-2005	21	S	21	S	32	S	22	S	30	S	23	S	24	S	21	S	21	S	25	S	27	S	30	S
133	1.414-2005	20	S	21	S	31	S	23	S	26	S	22	S	22	S	21	S	19	S	23	S	28	S	29	S

134	1.421-2005	22	S	21	S	30	I	22	S	26	S	22	S	20	S	21	S	19	S	22	S	26	S	28	S
135	2.424-2005	22	S	22	S	32	S	22	S	26	S	22	S	23	S	24	S	18	S	23	S	26	S	30	S
136	1.444-2005	6	R	22	S	28	I	6	R	27	S	21	S	24	S	19	S	18	S	25	S	26	S	29	S
137	1.455-2005	22	S	22	S	28	I	24	S	27	S	22	S	23	S	11	R	18	S	22	S	25	S	27	S
138	2.487-2005	6	R	17	I	29	I	19	S	28	S	20	S	23	S	6	R	18	S	26	S	27	S	29	S
139	2.535-2005	21	S	24	S	29	I	23	S	29	S	20	S	25	S	11	R	20	S	25	S	29	S	29	S
140	2.556-2005	28	S	28	S	32	S	26	S	29	S	26	S	26	S	26	S	20	S	26	S	28	S	30	S
141	1.584-2005	22	S	21	S	30	I	24	S	28	S	22	S	25	S	21	S	20	S	26	S	26	S	28	S
142	2.423-2005	20	S	22	S	29	I	26	S	29	S	20	S	25	S	12	R	20	S	25	S	27	S	28	S
143	1.599-2005	21	S	24	S	28	I	24	S	28	S	6	R	23	S	14	R	22	S	25	S	27	S	30	S
144	1.646-2005	22	S	22	S	29	I	26	S	30	S	21	S	25	S	17	S	22	S	24	S	28	S	29	S
145	1.647-2005	22	S	24	S	32	S	21	S	28	S	22	S	25	S	16	I	20	S	25	S	26	S	26	S
146	1.649-2005	21	S	23	S	30	I	23	S	25	I	21	S	23	S	14	R	21	S	23	S	26	S	27	S
147	1.652-2005	21	S	24	S	28	I	22	S	29	S	20	S	26	S	13	R	20	S	27	S	27	S	29	S
148	1.656-2005	21	S	23	S	30	I	23	S	27	S	23	S	24	S	14	R	20	S	24	S	29	S	29	S
149	1.660-2005	22	S	24	S	30	I	24	S	29	S	22	S	26	S	14	R	22	S	26	S	27	S	30	S
150	1.328-2005	20	S	20	S	25	I	23	S	26	S	20	S	21	S	20	S	17	S	22	S	25	S	26	S
151	1.778-2005	6	R	24	S	31	S	6	R	30	S	22	S	25	S	22	S	21	S	25	S	28	S	29	S
152	3.779-2005	21	S	22	S	29	I	26	S	29	S	20	S	25	S	20	S	20	S	26	S	28	S	31	S
153	3.780-2005	21	S	21	S	30	I	20	S	28	S	20	S	24	S	21	S	21	S	25	S	28	S	29	S
154	2.783-2005	21	S	24	S	30	I	24	S	28	S	21	S	25	S	14	R	21	S	25	S	28	S	31	S
155	2.784-2005	22	S	24	S	29	I	24	S	35	S	22	S	30	S	22	S	22	S	29	S	34	S	35	S
156	2.792-2005	20	S	21	S	29	I	24	S	29	S	20	S	27	S	13	R	20	S	27	S	28	S	30	S
157	2.798-2005	21	S	22	S	29	I	23	S	27	S	20	S	24	S	13	R	21	S	26	S	27	S	30	S
158	2.800-2005	21	S	24	S	29	I	23	S	30	S	20	S	26	S	13	R	20	S	26	S	28	S	29	S
159	2.803-2005	21	S	23	S	30	I	24	S	25	I	21	S	25	S	13	R	21	S	26	S	28	S	30	S
160	2.011-2006	22	S	26	S	26	I	27	S	29	S	6	R	26	S	16	I	22	S	25	S	29	S	30	S
161	2.012-2006	21	S	23	S	27	I	28	S	30	S	6	R	25	S	13	R	18	S	29	S	29	S	30	S
162	2.015-2006	21	S	24	S	25	I	27	S	28	S	6	R	25	S	13	R	21	S	26	S	28	S	29	S
163	1.023-2006	22	S	23	S	30	I	26	S	28	S	22	S	25	S	11	R	21	S	25	S	25	S	28	S
164	1.028-2006	22	S	24	S	28	I	26	S	27	S	22	S	24	S	12	R	20	S	25	S	27	S	26	S
165	1.043-2006	21	S	23	S	29	I	25	S	25	I	23	S	22	S	19	S	20	S	23	S	26	S	27	S
166	2.054-2006	21	S	24	S	31	S	27	S	26	S	30	S	22	S	10	R	20	S	24	S	25	S	29	S
167	1.102-2006	21	S	24	S	30	I	26	S	25	I	22	S	23	S	11	R	20	S	25	S	27	S	27	S
168	2.166-2006	23	S	22	S	26	I	27	S	30	S	6	R	26	S	12	R	21	S	28	S	30	S	31	S
169	3.235-2006	22	S	22	S	26	I	25	S	27	S	22	S	24	S	19	S	22	S	25	S	26	S	29	S
170	3.238-2006	22	S	22	S	30	I	26	S	26	S	22	S	23	S	20	S	16	S	23	S	25	S	25	S
171	3.239-2006	22	S	21	S	32	S	25	S	26	S	23	S	23	S	20	S	17	S	24	I	25	S	26	S
172	3.240-2006	21	S	24	S	30	I	26	S	26	S	23	S	23	S	13	R	15	S	24	S	25	S	27	S
173	3.241-2006	23	S	22	S	31	S	26	S	26	S	23	S	22	S	19	S	17	S	24	S	25	S	28	S
174	3.269-2006	21	S	24	S	30	I	26	S	26	S	23	S	23	S	13	R	15	S	24	S	25	S	27	S
175	1.289-2006	22	S	24	S	30	I	27	S	27	S	22	S	23	S	14	R	17	S	24	S	26	S	27	S
176	1.290-2006	23	S	24	S	30	I	27	S	25	I	23	S	22	S	13	R	18	S	25	S	18	I	24	S
177	2.301-2006	21	S	23	S	30	I	27	S	29	S	22	S	27	S	13	R	20	S	28	S	29	S	30	S
178	2.322-2006	10	R	23	S	30	I	27	S	28	S	23	S	25	S	15	I	16	S	25	S	27	S	27	S
179	1.340-2006	22	S	23	S	30	I	26	S	27	S	23	S	25	S	14	R	19	S	24	S	20	I	28	S

180	1.341-2006	23	S	22	S	29	I	27	S	28	S	22	S	24	S	10	R	19	S	25	S	25	S	28	S
181	2.415-2006	23	S	24	S	26	I	24	S	6	R	6	R	23	S	12	R	6	R	22	S	27	S	29	S
182	1.416-2006	23	S	25	S	30	I	26	S	32	S	22	S	25	S	13	R	24	S	29	S	26	S	30	S
183	2.466-2006	21	S	23	S	28	I	26	S	30	S	6	R	24	S	11	R	23	S	27	S	23	S	25	S
184	1.417-2006	23	S	23	S	31	S	27	S	29	S	22	S	25	S	12	R	22	S	26	S	25	S	30	S
185	1.423-2006	6	R	6	R	32	S	24	S	31	S	24	S	25	S	13	R	17	S	26	S	27	S	29	S
186	1.424-2006	6	R	6	R	30	I	22	S	31	S	23	S	26	S	14	R	19	S	21	S	25	S	30	S
187	1.439-2006	23	S	23	S	32	S	23	S	26	S	24	S	23	S	13	R	16	S	20	I	26	S	28	S
188	2.469-2006	22	S	24	S	26	I	25	S	30	S	6	R	25	S	12	R	20	S	28	S	29	S	32	S
189	2.473-2006	21	S	24	S	27	I	26	S	28	S	6	R	25	S	11	R	18	S	20	I	25	S	30	S
190	2.474-2006	23	S	24	S	27	I	25	S	30	S	6	R	25	S	13	R	16	S	25	S	27	S	30	S
191	2.475-2006	21	S	21	S	27	I	26	S	30	S	21	S	24	S	16	I	19	S	23	S	25	S	29	S
192	2.476-2006	22	S	23	S	27	I	25	S	29	S	21	S	25	S	19	S	17	S	20	I	25	S	27	S
193	3.519-2006	22	S	24	S	27	I	24	S	27	S	6	R	24	S	11	R	22	S	27	S	27	S	30	S
194	2.594-2006	21	S	24	S	28	I	25	S	30	S	20	S	27	S	20	S	18	S	28	S	26	S	29	S
195	2.596-2006	22	S	23	S	30	I	26	S	28	S	21	S	25	S	19	S	20	S	27	S	26	S	29	S
196	4.620-2006	23	S	24	S	33	S	27	S	30	S	22	S	25	S	14	R	20	S	27	S	26	S	29	S
197	2.650-2006	23	S	24	S	26	I	26	S	30	S	6	R	26	S	11	R	22	S	27	S	28	S	31	S
198	1.034-2007	24	S	23	S	30	I	29	S	30	S	25	S	25	S	20	S	22	S	27	S	28	S	32	S
199	1.102-2007	22	S	22	S	30	I	25	S	30	S	22	S	26	S	13	R	22	S	27	S	27	S	30	S
200	2.605-2007	21	S	22	S	29	I	27	S	25	I	22	S	22	S	20	S	16	S	22	S	24	S	26	S
201	1.631-2007	22	S	26	S	29	I	26	S	26	S	6	R	23	S	20	S	15	S	24	S	23	S	26	S
202	3.644-2007	22	S	24	S	32	S	26	S	25	I	22	S	23	S	20	S	17	S	23	S	25	S	26	S
203	3.645-2007	22	S	22	S	30	I	26	S	26	S	20	S	22	S	20	S	15	S	16	S	23	S	26	S
204	3.649-2007	23	S	23	S	31	S	25	S	29	S	22	S	24	S	21	S	16	S	25	S	23	S	27	S
205	1.655-2007	22	S	22	S	30	I	26	S	26	S	22	S	22	S	19	S	16	S	17	S	23	S	26	S
206	1.656-2007	20	S	22	S	29	I	26	S	25	I	6	R	21	S	18	S	13	I	22	S	17	I	26	S
207	3.658-2007	22	S	24	S	30	I	26	S	26	S	21	S	24	S	10	R	16	S	24	S	26	S	27	S
208	2.607-2007	22	S	21	S	29	I	27	S	28	S	22	S	24	S	21	S	16	S	24	S	25	S	27	S
209	3.659-2007	22	S	23	S	32	S	27	S	28	S	20	S	22	S	10	R	15	S	20	I	23	S	26	S
210	3.660-2007	22	S	24	S	32	S	27	S	28	S	21	S	23	S	22	S	13	I	22	S	25	S	27	S
211	3.777-2007	23	S	23	S	33	S	27	S	28	S	24	S	24	S	19	S	17	S	25	S	25	S	27	S
212	3.774-2007	22	S	22	S	30	I	26	S	28	S	23	S	24	S	20	S	18	S	25	S	26	S	28	S
213	3.776-2007	21	S	23	S	31	S	26	S	28	S	23	S	23	S	19	S	18	S	26	S	28	S	28	S
214	2.832-2007	6	R	25	S	28	I	27	S	29	S	6	R	18	S	18	S	6	R	26	I	29	S	30	S
215	1.844-2007	18	S	25	S	28	I	23	S	30	S	9	R	22	S	18	S	6	R	27	S	29	S	31	S
216	1.864-2007	21	S	22	S	28	I	26	S	30	S	23	S	25	S	18	S	20	S	27	S	26	S	30	S
217	1.868-2007	20	S	25	S	27	I	25	S	32	S	6	R	27	S	23	S	20	S	27	S	30	S	32	S
218	3.893-2007	21	S	24	S	27	I	26	S	30	S	6	R	26	S	20	S	18	S	28	S	26	S	30	S
219	1.915-2007	20	S	23	S	24	I	24	S	30	S	6	R	26	S	15	I	6	R	26	S	27	S	27	S
220	3.940-2007	20	S	21	S	30	I	25	S	28	S	22	S	24	S	9	R	18	S	26	S	26	S	29	S
221	3.941-2007	21	S	23	S	30	I	23	S	28	S	21	S	20	S	18	S	17	S	20	I	26	S	27	S
222	3.943-2007	20	S	22	S	29	I	23	S	26	S	21	S	22	S	18	S	16	S	24	S	23	S	27	S
223	3.944-2007	20	S	23	S	30	I	24	S	28	S	22	S	22	S	18	S	17	S	25	S	24	S	26	S
224	3.945-2007	21	S	23	S	30	I	26	S	26	S	21	S	22	S	19	S	17	S	23	S	24	S	26	S
225	2.959-2007	22	S	22	S	30	I	24	S	28	S	20	S	25	S	17	S	22	S	27	S	25	S	28	S

226	2.962-2007	20	S	22	S	30	I	25	S	30	S	20	S	25	S	9	R	20	S	28	S	28	S	30	S
227	1.1006-2007	21	S	25	S	20	R	27	S	30	S	6	R	24	S	17	S	16	S	28	S	26	S	28	S
228	1.1148-2007	23	S	24	S	27	I	27	S	31	S	6	R	25	S	12	R	19	S	29	S	28	S	30	S
229	1.1194-2007	22	S	24	S	28	I	24	S	31	S	14	I	25	S	15	I	17	S	28	S	27	S	29	S
230	1.1241-2007	21	S	24	S	30	I	27	S	31	S	22	S	25	S	20	S	19	S	27	S	28	S	29	S
231	1.1268-2007	23	S	24	S	31	S	26	S	30	S	21	S	24	S	21	S	6	R	27	S	26	S	28	S
232	1.1270-2007	25	S	27	S	33	S	27	S	27	S	23	S	19	S	20	S	19	S	26	S	27	S	29	S
233	1.1271-2007	23	S	24	S	32	S	27	S	28	S	24	S	24	S	23	S	19	S	25	S	26	S	28	S
234	1.1273-2007	25	S	27	S	33	S	27	S	27	S	23	S	19	S	20	S	19	S	26	S	27	S	29	S
235	1.048-2007	6	R	21	S	29	I	6	R	27	S	22	S	25	S	22	S	22	S	26	S	26	S	30	S
236	1.062-2007	6	R	24	S	32	S	6	R	30	S	24	S	25	S	23	S	23	S	27	S	28	S	30	S
237	1.064-2007	6	R	19	S	9	R	6	R	28	S	6	R	25	S	18	S	21	S	28	S	27	S	30	S
238	1.119-2007	26	S	25	S	32	S	6	R	30	S	24	S	25	S	18	S	22	S	25	S	30	S	31	S
239	1.121-2007	6	R	23	S	30	I	25	S	30	S	22	S	25	S	20	S	21	S	26	S	24	S	29	S
240	2.125-2007	23	S	24	S	25	I	27	S	30	S	6	R	26	S	12	R	24	S	28	S	29	S	31	S
241	2.127-2007	6	R	21	S	28	I	24	S	29	S	21	S	26	S	20	S	21	S	27	S	24	S	30	S
242	1.128-2007	21	S	22	S	28	I	24	S	30	S	20	S	25	S	21	S	22	S	26	S	27	S	30	S
243	1.193-2007	21	S	23	S	31	S	24	S	28	S	22	S	25	S	13	R	20	S	26	S	27	S	29	S
244	1.194-2007	23	S	24	S	29	I	25	S	29	S	22	S	25	S	12	R	18	S	26	S	28	S	30	S
245	1.195-2007	26	S	25	S	30	I	28	S	28	S	26	S	25	S	23	S	20	S	27	S	28	S	29	S
246	1.196-2007	22	S	23	S	30	I	25	S	28	S	22	S	23	S	12	R	19	S	24	S	25	S	27	S
247	1.197-2007	21	S	23	S	30	I	24	S	29	S	21	S	25	S	10	R	18	S	28	S	26	S	30	S
248	1.198-2007	21	S	21	S	32	S	24	S	28	S	20	S	25	S	17	S	19	S	26	S	25	S	26	S
249	1.199-2007	21	S	21	S	30	I	24	S	30	S	21	S	25	S	11	R	19	S	26	S	26	S	28	S
250	1.201-2007	22	S	23	S	31	S	25	S	29	S	21	S	24	S	19	S	18	S	25	S	25	S	28	S
251	1.260-2007	23	S	23	S	30	I	26	S	30	S	23	S	25	S	24	S	17	S	27	S	26	S	30	S
252	1.281-2007	6	R	24	S	30	I	29	S	31	S	22	S	25	S	20	S	20	S	25	S	29	S	31	S
253	2.311-2007	23	S	24	S	30	I	26	S	28	S	21	S	25	S	16	I	19	S	26	S	25	S	27	S
254	2.374-2007	21	S	23	S	31	S	27	S	31	S	22	S	26	S	9	R	17	S	27	S	25	S	28	S
255	2.377-2007	21	S	21	S	30	I	26	S	30	S	23	S	25	S	8	R	20	S	27	S	29	S	31	S
256	1.418-2007	6	R	6	R	28	I	22	S	27	S	21	S	22	S	18	S	17	S	24	S	24	S	26	S
257	1.423-2007	21	S	22	S	32	S	24	S	29	S	23	S	24	S	20	S	18	S	27	S	27	S	29	S
258	2.442-2007	27	S	26	S	31	S	28	S	28	S	24	S	24	S	25	S	17	S	25	S	26	S	28	S
259	3.452-2007	22	S	23	S	30	I	26	S	28	S	22	S	24	S	20	S	19	S	25	S	25	S	28	S
260	2.453-2007	22	S	24	S	28	I	27	S	29	S	22	S	24	S	10	R	17	S	26	S	24	S	29	S
261	1.464-2007	19	S	23	S	27	I	26	S	27	S	6	R	23	S	15	I	18	S	24	S	24	S	26	S
262	1.490-2007	20	S	22	S	29	I	26	S	29	S	22	S	26	S	11	R	18	S	24	S	20	I	29	S
263	1.548-2007	22	S	24	S	30	I	25	S	25	I	22	S	22	S	20	S	15	S	22	S	24	S	25	S
264	1.562-2007	21	S	24	S	29	I	29	S	26	S	21	S	23	S	17	S	16	S	23	S	24	S	29	S
265	1.583-2007	22	S	21	S	31	S	26	S	28	S	27	S	26	S	11	R	18	S	25	S	29	S	30	S
266	1.972-2008	23	S	24	S	32	S	27	S	25	I	23	S	20	S	20	S	24	S	22	S	23	S	25	S
267	1.985-2008	29	S	29	S	35	S	29	S	30	S	23	S	25	S	13	R	26	S	29	S	27	S	29	S
268	1.1038-2008	27	S	27	S	30	I	30	S	11	R	18	I	23	S	23	S	27	S	25	S	26	S	30	S
269	3.1067-2008	21	S	22	S	28	I	27	S	29	S	21	S	25	S	19	S	20	S	25	S	25	S	30	S
270	1.1156-2008	27	S	27	S	33	S	29	S	29	S	26	S	25	S	21	S	27	S	26	S	27	S	30	S
271	3.084-2008	22	S	23	S	29	I	26	S	32	S	22	S	22	S	20	S	18	S	24	S	28	S	30	S

272	2.168-2008	22	S	19	S	31	S	20	S	30	S	24	S	24	S	21	S	17	S	26	S	25	S	27	S
273	2.171-2008	26	S	13	I	31	S	23	S	30	S	22	S	23	S	18	S	20	S	26	S	27	S	30	S
274	1.185-2008	23	S	23	S	30	I	27	S	29	S	21	S	25	S	17	S	18	S	27	S	26	S	30	S
275	2.226-2008	23	S	24	S	31	S	26	S	30	S	23	S	25	S	15	I	11	R	25	S	27	S	28	S
276	1.285-2008	22	S	24	S	32	S	27	S	27	S	22	S	24	S	16	I	25	S	26	S	26	S	29	S
277	1.292-2008	22	S	25	S	30	I	29	S	29	S	22	S	24	S	17	S	22	S	28	S	26	S	29	S
278	1.324-2008	23	S	19	S	30	I	29	S	29	S	20	S	25	S	21	S	21	S	26	S	26	S	29	S
279	1.019-2008	24	S	26	S	30	I	28	S	32	S	22	S	23	S	18	S	19	S	26	S	28	S	30	S
280	1.020-2008	27	S	24	S	31	S	27	S	30	S	22	S	25	S	18	S	19	S	26	S	28	S	30	S
281	3.085-2008	23	S	23	S	30	I	26	S	31	S	24	S	22	S	19	S	18	S	24	S	29	S	32	S
282	3.087-2008	21	S	20	S	30	I	24	S	31	S	22	S	23	S	20	S	16	S	25	S	27	S	30	S
283	3.124-2008	20	S	21	S	29	I	23	S	31	S	23	S	23	S	19	S	9	R	26	S	29	S	31	S
284	2.167-2008	19	S	20	S	30	I	20	S	21	R	22	S	24	S	20	S	19	S	13	R	27	S	29	S
285	1.200-2008	24	S	24	S	28	I	27	S	33	S	22	S	27	S	20	S	18	S	30	S	29	S	29	S
286	1.212-2008	19	S	22	S	21	I	31	S	30	S	6	R	25	S	24	S	9	R	25	S	28	S	29	S
287	1.231-2008	6	R	6	R	32	S	24	S	29	S	23	S	15	I	18	S	11	R	24	S	25	S	28	S
288	1.245-2008	6	R	12	R	31	S	25	S	30	S	22	S	26	S	21	S	6	R	26	S	25	S	28	S
289	1.362-2008	24	S	26	S	30	I	26	S	15	R	21	S	21	S	15	I	24	S	28	S	28	S	31	S
290	1.357-2008	24	S	25	S	32	S	29	S	30	S	24	S	25	S	16	I	24	S	29	S	28	S	25	S
291	1.398-2008	21	S	23	S	30	I	27	S	31	S	21	S	25	S	20	S	21	S	27	S	27	S	28	S
292	1.399-2008	23	S	24	S	29	I	26	S	28	S	21	S	24	S	12	R	21	S	26	S	25	S	30	S
293	1.404-2008	22	S	23	S	30	I	26	S	29	S	21	S	21	S	15	I	23	S	25	S	25	S	30	S
294	1.413-2008	22	S	21	S	28	I	26	S	30	S	14	I	21	S	20	S	20	S	24	S	24	S	26	S
295	1.426-2008	6	R	22	S	30	I	6	R	8	R	22	S	16	I	20	S	20	S	20	S	25	S	28	S
296	1.436-2008	23	S	23	S	31	S	24	S	30	S	22	S	25	S	20	S	20	S	28	S	29	S	31	S
297	1.485-2008	21	S	24	S	31	S	24	S	30	S	21	S	25	S	20	S	19	S	25	S	26	S	29	S
298	1.488-2008	22	S	24	S	31	S	25	S	30	S	22	S	24	S	21	S	19	S	28	S	28	S	30	S
299	2.513-2008	22	S	20	S	30	I	24	S	31	S	23	S	25	S	20	S	21	S	29	S	27	S	29	S
300	1.534-2008	24	S	27	S	32	S	23	S	31	S	23	S	24	S	23	S	20	S	28	S	28	S	30	S
301	1.596-2008	21	S	23	S	30	I	27	S	29	S	23	S	24	S	23	S	21	S	25	S	25	S	26	S
302	2.620-2008	22	S	25	S	35	S	25	S	31	S	22	S	26	S	10	R	20	S	30	S	31	S	31	S
303	1.647-2008	22	S	24	S	33	S	25	S	31	S	23	S	26	S	10	R	19	S	28	S	27	S	29	S
304	2.655-2008	22	S	26	S	27	I	27	S	27	S	6	R	25	S	18	S	22	S	26	S	27	S	29	S
305	2.656-2008	22	S	27	S	32	S	26	S	28	S	24	S	23	S	23	S	21	S	26	S	27	S	29	S
306	1.692-2008	26	S	29	S	32	S	35	S	12	R	6	R	23	S	25	S	28	S	22	S	25	S	29	S
307	2.693-2008	26	S	30	S	32	S	30	S	10	R	21	S	23	S	21	S	29	S	25	S	24	S	28	S
308	1.699-2008	23	S	25	S	32	S	29	S	29	S	22	S	25	S	10	R	26	S	28	S	29	S	30	S
309	2.737-2008	24	S	26	S	39	S	29	S	32	S	23	S	25	S	23	S	25	S	29	S	27	S	29	S
310	2.742-2008	23	S	26	S	23	I	29	S	28	S	6	R	25	S	17	S	25	S	28	S	28	S	28	S
311	2.778-2008	27	S	29	S	27	I	31	S	30	S	6	R	26	S	23	S	27	S	28	S	29	S	30	S
312	1.784-2008	21	S	26	S	30	I	29	S	30	S	24	S	24	S	22	S	25	S	26	S	28	S	30	S
313	1.799-2008	22	S	24	S	32	S	30	S	29	S	22	S	24	S	21	S	24	S	26	S	26	S	28	S
314	1.813-2008	23	S	25	S	32	S	29	S	27	S	21	S	6	R	20	S	24	S	24	S	23	S	26	S
315	2.843-2008	23	S	27	S	22	I	26.5	S	29	S	6	R	25	S	15	I	25	S	28	S	25	S	30	S
316	3.887-2008	23	S	24	S	29	I	27	S	27	S	24	S	23	S	21	S	25	S	25	S	22	I	27	S
317	3.888-2008	22	S	25	S	29	I	26	S	28	S	25	S	24	S	21	S	24	S	26	S	26	S	30	S

318	3.051-2009	21	S	22	S	29	I	24	S	30	S	21	S	6	R	17	S	22	S	28	S	25	S	30	S
319	3.052-2009	21	S	23	S	30	I	20	S	30	S	21	S	26	S	17	S	23	S	28	S	29	S	31	S
320	3.053-2009	21	S	23	S	29	I	27	S	30	S	22	S	25	S	19	S	22	S	27	S	29	S	30	S
321	2.054-2009	22	S	24	S	31	S	23	S	30	S	20	S	25	S	18	S	18	S	27	S	28	S	29	S
322	1.058-2009	23	S	24	S	31	S	6	R	31	S	6	R	25	S	11	R	7	R	25	S	25	S	30	S
323	1.073-2009	25	S	25	S	30	I	28	S	29	S	26	S	24	S	20	S	24	S	27	S	26	S	28	S
324	1.131-2009	24	S	26	S	31	S	27	S	30	S	25	S	23	S	21	S	23	S	27	S	26	S	28	S
325	2.163-2009	23	S	27	S	28	I	27	S	30	S	13	R	23	S	18	S	22	S	28	S	28	S	29	S
326	3.165-2009	24	S	23	S	28	I	25	S	30	S	20	S	24	S	21	S	20	S	27	S	26	S	28	S
327	1.174-2009	23	S	24	S	32	S	23	S	31	S	22	S	25	S	20	S	6	R	27	S	29	S	30	S
328	1.193-2009	23	S	24	S	29	I	26	S	31	S	21	S	24	S	17	S	21	S	27	S	28	S	30	S
329	2.194-2009	15	I	23	S	27	I	26	S	28	S	20	S	25	S	19	S	19	S	26	S	25	S	28	S
330	1.205-2009	16	I	25	S	25	I	6	R	30	S	6	R	25	S	10	R	6	R	27	S	27	S	29	S
331	1.263-2009	22	S	25	S	27	I	6	R	31	S	6	R	23	S	10	R	6	R	28	S	27	S	28	S
332	2.290-2009	22	S	24	S	28	I	26	S	31	S	20	S	25	S	13	R	21	S	28	S	27	S	29	S
333	1.318-2009	6	R	6	R	29	I	21	S	28	S	21	S	25	S	18	S	11	R	26	S	26	S	28	S
334	1.322-2009	6	R	25	S	29	I	6	R	30	S	20	S	24	S	22	S	6	R	26	S	27	S	29	S
335	1.327-2009	23	S	24	S	29	I	26	S	30	S	22	S	24	S	20	S	19	S	27	S	27	S	29	S
336	3.334-2009	24	S	26	S	30	I	27	S	30	S	23	S	24	S	22	S	22	S	27	S	26	S	28	S
337	1.344-2009	23	S	25	S	30	I	28	S	31	S	20	S	22	S	12	R	21	S	29	S	26	S	27	S
338	1.346-2009	6	R	6	R	30	I	18	S	30	S	24	S	23	S	18	S	10	R	28	S	27	S	29	S
339	2.445-2009	23	S	24	S	29	I	27	S	30	S	22	S	25	S	23	S	20	S	27	S	28	S	30	S
340	3.454-2009	23	S	26	S	30	I	27	S	29	S	22	S	24	S	15	I	25	S	26	S	28	S	30	S
341	1.474-1999	21	S	24	S	22	I	24	S	30	S	6	R	30	S	15	I	21	S	25	S	34	S	34	S
342	3.511-2009	21	S	24	S	29	I	6	R	30	S	20	S	24	S	20	S	19	S	26	S	28	S	30	S
343	3.512-2009	23	S	22	S	28	I	25	S	27	S	20	S	24	S	21	S	18	S	26	S	26	S	28	S
344	3.513-2009	21	S	25	S	31	S	24	S	30	S	21	S	25	S	21	S	20	S	28	S	27	S	29	S
345	3.514-2009	22	S	26	S	31	S	28	S	30	S	21	S	25	S	21	S	20	S	26	S	26	S	28	S
346	3.515-2009	22	S	24	S	31	S	27	S	29	S	23	S	23	S	21	S	19	S	26	S	25	S	27	S
347	3.516-2009	21	S	25	S	31	S	27	S	30	S	21	S	24	S	18	S	6	R	28	S	27	S	29	S
348	3.517-2009	24	S	26	S	30	I	28	S	30	S	22	S	24	S	23	S	15	S	28	S	26	S	29	S
349	3.544-2009	23	S	24	S	20	R	23	S	29	S	20	S	24	S	22	S	30	S	25	S	26	S	28	S
350	3.545-2009	23	S	26	S	31	S	24	S	29	S	20	S	23	S	22	S	19	S	26	S	26	S	28	S
351	3.546-2009	23	S	26	S	30	I	19	S	31	S	6	R	26	S	9	R	6	R	28	S	28	S	30	S
352	3.547-2009	24	S	26	S	28	I	22	S	31	S	6	R	24	S	10	R	6	R	28	S	25	S	27	S
353	1.551-2009	22	S	23	S	30	I	27	S	30	S	21	S	24	S	16	I	17	S	27	S	27	S	30	S
354	3.573-2009	22	S	26	S	25	I	6	R	30	S	6	R	24	S	9	R	6	R	28	S	28	S	30	S
355	3.574-2009	22	S	23	S	29	I	28	S	29	S	23	S	23	S	20	S	18	S	26	S	26	S	28	S
356	3.575-2009	25	S	27	S	33	S	27	S	27	S	23	S	19	S	20	S	19	S	26	S	27	S	29	S
357	1.614-2009	21	S	25	S	31	S	27	S	30	S	21	S	24	S	18	S	6	R	28	S	27	S	29	S
358	1.635-2009	20	S	24	S	31	S	28	S	29	S	23	S	23	S	21	S	21	S	27	S	28	S	30	S
359	1.686-2009	23	S	25	S	28	I	6	R	29	S	6	R	25	S	8	R	6	R	27	S	27	S	29	S
360	1.696-2009	21	S	25	S	25	I	26	S	28	S	6	R	23	S	20	S	22	S	26	S	26	S	28	S
361	1.719-2009	23	S	24	S	30	I	28	S	29	S	22	S	24	S	9	R	20	S	28	S	27	S	29	S
362	1.780-2009	23	S	23	S	30	I	28	S	31	S	23	S	24	S	16	I	20	S	28	S	29	S	31	S
363	1.155-2010	21	S	23	S	28	I	20	S	28	S	20	S	23	S	19	S	6	R	26	S	26	S	28	S

364	1.016-2010	8	R	22	S	29	I	25	S	30	S	22	S	24	S	18	S	16	S	26	S	26	S	28	S
365	1.033-2010	6	R	22	S	28	I	23	S	31	S	21	S	24	S	18	S	6	R	28	S	28	S	30	S
366	1.047-2010	8	R	23	S	30	I	20	S	27	S	20	S	22	S	20	S	19	S	24	S	24	S	27	S
367	1.049-2010	9	R	21	S	26	I	23	S	29	S	20	S	25	S	19	S	18	S	26	S	26	S	28	S
368	1.109-2010	19	S	22	S	30	I	25	S	29	S	19	S	24	S	19	S	19	S	25	S	26	S	29	S
369	1.138-2010	20	S	22	S	32	S	28	S	29	S	22	S	23	S	20	S	21	S	28	S	26	S	28	S
370	1.151-2010	22	S	25	S	31	S	28	S	29	S	20	S	23	S	18	S	30	S	25	S	25	S	27	S
371	1.152-2010	22	S	23	S	27	I	27	S	30	S	6	R	25	S	16	I	20	S	28	S	24	S	25	S
372	1.159-2010	21	S	21	S	30	I	28	S	27	S	22	S	22	S	19	S	20	S	26	S	27	S	29	S
373	1.167-2010	22	S	25	S	30	I	26	S	30	S	20	S	25	S	20	S	21	S	27	S	24	S	30	S
374	1.170-2010	23	S	26	S	29	I	6	R	30	S	6	R	25	S	8	R	6	R	27	S	28	S	26	S
375	1.174-2010	20	S	20	S	24	I	6	R	26	S	6	R	20	S	8	R	6	R	23	S	26	S	28	S
376	1.175-2010	19	S	25	S	26	I	6	R	29	S	6	R	24	S	8	R	6	R	27	S	27	S	29	S
377	1.176-2010	24	S	22	S	30	I	20	S	30	S	22	S	23	S	20	S	6	R	28	S	26	S	28	S
378	3.194-2010	21	S	23	S	29	I	6	R	27	S	6	R	24	S	10	R	6	R	26	S	26	S	28	S
379	3.195-2010	21	S	22	S	30	I	26	S	23	I	22	S	22	S	19	S	20	S	27	S	26	S	28	S
380	1.199-2010	20	S	25	S	26	I	6	R	30	S	6	R	24	S	9	R	6	R	26	S	27	S	29	S
381	2.204-2010	26	S	16	I	28	I	6	R	28	S	6	R	26	S	8	R	6	R	28	S	26	S	30	S
382	2.205-2010	16	I	9	R	30	I	6	R	30	S	19	S	24	S	6	R	19	S	25	S	25	S	29	S
383	2.212-2010	20	S	24	S	28	I	6	R	30	S	6	R	25	S	8	R	6	R	26	S	26	S	29	S
384	2.214-2010	19	S	25	S	27	I	6	R	30	S	6	R	10	R	9	R	6	R	28	S	25	S	30	S
385	2.225-2010	20	S	22	S	25	I	6	R	28	S	6	R	25	S	9	R	6	R	26	S	24	S	26	S
386	1.231-2010	13	R	6	R	26	I	6	R	27	S	6	R	25	S	6	R	6	R	27	S	25	S	31	S
387	1.232-2010	20	S	24	S	28	I	6	R	28	S	6	R	25	S	8	R	6	R	25	S	25	S	29	S
388	1.243-2010	20	S	22	S	25	I	6	R	28	S	6	R	25	S	9	R	6	R	26	S	24	S	26	S
389	1.253-2010	22	S	24	S	31	S	27	S	29	S	22	S	22	S	10	R	21	S	27	S	24	S	28	S
390	1.259-2010	23	S	25	S	32	S	27	S	30	S	22	S	24	S	11	R	21	S	27	S	25	S	27	S
391	1.265-2010	20	S	26	S	32	S	27	S	29	S	23	S	24	S	11	R	22	S	26	S	26	S	27	S
392	1.294-2010	18	S	25	S	31	S	26	S	27	S	23	S	24	S	21	S	21	S	27	S	25	S	28	S
393	3.296-2010	22	S	24	S	28	I	6	R	30	S	6	R	25	S	8	R	6	R	30	S	26	S	30	S
394	1.298-2010	6	R	6	R	33	S	22	S	27	S	23	S	24	S	21	S	6	R	25	S	27	S	28	S
395	1.324-2010	23	S	24	S	31	S	22	S	28	S	23	S	18	S	20	S	22	S	24	S	25	S	28	S
396	1.355-2010	23	S	20	S	30	I	24	S	27	S	22	S	24	S	21	S	21	S	26	S	23	S	25	S
397	1.359-2010	22	S	25	S	26	I	6	R	28	S	6	R	24	S	9	R	6	R	25	S	26	S	29	S
398	1.367-2010	24	S	26	S	32	S	22	S	28	S	20	S	25	S	20	S	22	S	28	S	24	S	28	S
399	1.372-2010	19	S	22	S	24	I	27	S	28	S	6	R	26	S	23	S	21	S	29	S	27	S	30	S
400	1.391-2010	6	R	6	R	31	S	21	S	25	I	23	S	22	S	17	S	6	R	25	S	25	S	28	S
401	3.395-2010	24	S	25	S	24	I	6	R	35	S	6	R	29	S	10	R	6	R	31	S	28	S	31	S
402	3.397-2010	16	I	20	S	22	I	6	R	27	S	6	R	24	S	10	R	6	R	27	S	26	S	30	S
403	3.398-2010	22	S	24	S	25	I	6	R	28	S	6	R	24	S	10	R	6	R	26	S	24	S	27	S
404	3.400-2010	21	S	23	S	25	I	6	R	29	S	6	R	24	S	9	R	6	R	26	S	26	S	29	S
405	3.401-2010	23	S	22	S	26	I	6	R	31	S	6	R	26	S	10	R	6	R	29	S	24	S	29	S
406	3.403-2010	21	S	22	S	25	I	6	R	27	S	6	R	24	S	10	R	6	R	23	S	29	S	30	S
407	3.405-2010	21	S	23	S	25	I	6	R	30	S	6	R	24	S	10	R	6	R	27	S	24	S	30	S
408	1.423-2010	21	S	24	S	25	I	24	S	25	I	6	R	21	S	10	R	6	R	6	S	26	S	30	S
409	1.437-2010	18	S	23	S	31	S	28	S	28	S	20	S	24	S	20	S	19	S	27	S	25	S	28	S

410	1.438-2010	22	S	26	S	31	S	27	S	29	S	21	S	24	S	17	S	21	S	27	S	24	S	28	S
411	1.439-2010	19	S	23	S	26	I	26	S	27	S	6	R	24	S	21	S	6	R	27	S	26	S	29	S
412	1.441-2010	18	S	24	S	25	I	22	S	28	S	6	R	25	S	21	S	6	R	26	S	24	S	28	S
413	1.442-2010	24	S	21	S	27	I	23	S	28	S	6	R	26	S	21	S	24	S	26	S	25	S	29	S
414	2.445-2010	22	S	24	S	29	I	27	S	27	S	22	S	25	S	21	S	20	S	26	S	27	S	30	S
415	2.449-2010	17	S	6	R	30	I	10	R	29	S	20	S	25	S	21	S	6	R	27	S	27	S	30	S
416	1.460-2010	23	S	23	S	29	I	26	S	26	S	21	S	23	S	17	S	21	S	25	S	26	S	29	S
417	1.461-2010	21	S	23	S	30	I	24	S	26	S	21	S	24	S	20	S	20	S	25	S	25	S	27	S
418	1.473-2010	23	S	25	S	31	S	27	S	30	S	23	S	28	S	22	S	23	S	29	S	26	S	31	S
419	1.480-2010	21	S	24	S	27	I	6	R	30	S	6	R	26	S	9	R	6	R	28	S	26	S	30	S
420	1.528-2010	22	S	24	S	23	I	6	R	30	S	6	R	27	S	9	R	6	R	28	S	25	S	31	S
421	1.530-2010	23	S	24	S	29	I	23	S	30	S	6	R	25	S	8	R	6	R	28	S	27	S	31	S
422	1.532-2010	21	S	24	S	29	I	22	S	30	S	23	S	26	S	9	R	20	S	28	S	26	S	30	S
423	1.535-2010	22	S	25	S	28	I	20	S	30	S	6	R	25	S	8	R	6	R	28	S	26	S	29	S
424	1.536-2010	22	S	24	S	26	I	6	R	30	S	6	R	24	S	9	R	6	R	28	S	25	S	28	S
425	1.546-2010	23	S	25	S	30	I	25	S	30	S	21	S	24	S	19	S	20	S	27	S	26	S	28	S
426	3.547-2010	21	S	25	S	30	I	24	S	30	S	24	S	24	S	18	S	20	S	27	S	26	S	31	S
427	1.548-2010	18	S	23	S	31	S	28	S	28	S	20	S	24	S	20	S	19	S	27	S	25	S	28	S
428	1.550-2010	20	S	22	S	24	I	6	R	27	S	6	R	19	S	8	R	6	R	26	S	26	S	31	S
429	1.551-2010	24	S	22	S	31	S	29	S	10	R	24	S	23	S	20	S	22	S	26	S	26	S	29	S
430	1.556-2010	6	R	24	S	29	I	26	S	14	R	22	S	21	S	19	S	20	S	6	R	27	S	30	S
431	1.557-2010	22	S	23	S	24	I	6	R	30	S	6	R	25	S	9	R	6	R	28	S	29	S	30	S
432	3.561-2010	21	S	22	S	27	I	6	R	31	S	6	R	27	S	9	R	6	R	30	S	27	S	30	S
433	3.562-2010	22	S	23	S	27	I	23	S	31	S	6	R	26	S	9	R	6	R	28	S	27	S	31	S
434	3.563-2010	21	S	22	S	29	I	26	S	30	S	25	S	25	S	20	S	21	S	29	S	27	S	29	S
435	3.564-2010	22	S	23	S	28	I	26	S	24	I	22	S	22	S	27	S	21	S	23	S	25	S	26	S
436	3.565-2010	22	S	23	S	29	I	26	S	26	S	23	S	22	S	18	S	19	S	24	S	25	S	27	S
437	3.566-2010	22	S	23	S	26	I	6	R	28	S	6	R	24	S	8	R	6	R	26	S	24	S	26	S
438	3.567-2010	22	S	24	S	25	I	6	R	24	I	6	R	29	S	8	R	6	R	25	S	24	S	27	S
439	3.568-2010	23	S	24	S	26	I	6	R	24	I	6	R	21	S	8	R	6	R	25	S	24	S	29	S
440	1.569-2010	23	S	24	S	29	I	27	S	6	R	18	I	21	S	18	S	22	S	6	R	25	S	26	S
441	1.571-2010	23	S	24	S	28	I	6	R	28	S	6	R	23	S	8	R	6	R	25	S	24	S	28	S
442	1.572-2010	21	S	20	S	24	I	19	S	27	S	6	R	23	S	8	R	6	R	25	S	26	S	27	S
443	1.576-2010	22	S	23	S	30	I	27	S	27	S	22	S	23	S	20	S	20	S	25	S	22	I	27	S
444	1.580-2010	23	S	24	S	28	I	6	R	29	S	6	R	25	S	10	R	6	R	26	S	24	S	28	S
445	1.581-2010	22	S	22	S	29	I	25	S	26	S	21	S	22	S	18	S	20	S	22	S	23	S	26	S
446	1.582-2010	23	S	24	S	26	I	25	S	27	S	6	R	23	S	6	R	6	R	26	S	25	S	26	S
447	3.590-2010	23	S	24	S	26	I	6	R	30	S	6	R	25	S	9	R	6	R	25	S	25	S	28	S
448	3.591-2010	23	S	23	S	25	I	22	S	30	S	6	R	25	S	9	R	6	R	26	S	27	S	30	S
449	1.595-2010	21	S	24	S	29	I	26	S	30	S	21	S	25	S	18	S	20	S	28	S	27	S	30	S
450	1.599-2010	17	S	23	S	26	I	27	S	30	S	6	R	25	S	14	R	21	S	28	S	26	S	30	S
451	1.606-2010	22	S	24	S	30	I	26	S	30	S	21	S	22	S	9	R	20	S	27	S	25	S	26	S
452	1.620-2010	22	S	26	S	29	I	27	S	31	S	21	S	25	S	17	S	21	S	28	S	26	S	29	S
453	1.621-2010	21	S	24	S	24	I	24	S	27	S	6	R	24	S	6	R	6	R	26	S	22	I	25	S
454	1.622-2010	22	S	25	S	29	I	27	S	30	S	21	S	23	S	16	I	22	S	26	S	25	S	27	S
455	1.631-2010	21	S	23	S	28	I	26	S	29	S	20	S	23	S	11	R	18	S	27	S	24	S	26	S

456	2.646-2010	22	S	24	S	29	I	27	S	28	S	21	S	23	S	14	R	20	S	26	S	23	S	29	S
457	2.649-2010	22	S	23	S	29	I	26	S	26	S	22	S	23	S	14	R	20	S	25	S	24	S	27	S
458	2.666-2010	21	S	24	S	27	I	6	R	30	S	6	R	25	S	8	R	6	R	28	S	23	S	28	S
459	2.670-2010	22	S	24	S	30	I	27	S	27	S	21	S	25	S	15	I	21	S	25	S	27	S	32	S
460	1.678-2010	24	S	26	S	31	S	28	S	29	S	24	S	24	S	19	S	22	S	27	S	26	S	27	S
461	1.001-2011	22	S	23	S	30	I	27	S	30	S	19	S	24	S	11	R	20	S	26	S	26	S	30	S
462	1.023-2011	22	S	23	S	29	I	27	S	30	S	6	R	25	S	14	R	22	S	27	S	28	S	30	S
463	1.024-2011	6	R	25	S	30	I	28	S	13	R	23	S	20	S	23	S	21	S	23	S	27	S	30	S
464	1.025-2011	21	S	23	S	27	I	30	S	28	S	6	R	24	S	13	R	21	S	25	S	25	S	27	S
465	1.045-2011	25	S	31	S	32	S	6	R	30	S	6	R	27	S	9	R	6	R	28	S	25	S	29	S
466	2.094-2011	15	I	24	S	28	I	6	R	26	S	11	R	20	S	14	R	6	R	26	S	26	S	29	S
467	1.176-2011	23	S	26	S	26	I	6	R	26	S	6	R	23	S	6	R	6	R	27	S	25	S	26	S
468	1.183-2011	25	S	24	S	28	I	26	S	30	S	6	R	25	S	6	R	6	R	27	S	25	S	27	S
469	1.197-2011	23	S	23	S	25	I	21	S	19	R	6	R	24	S	6	R	6	R	7	R	25	S	27	S
470	1.201-2011	20	S	22	S	24	I	6	R	25	I	6	R	22	S	6	R	6	R	23	S	24	S	28	S
471	1.211-2011	23	S	25	S	26	I	6	R	26	S	6	R	23	S	6	R	6	R	25	S	26	S	30	S
472	1.212-2011	6	R	23	S	31	S	25	S	18	R	12	R	23	S	6	R	18	S	7	R	25	S	29	S
473	1.213-2011	6	R	24	S	30	I	26	S	19	R	20	S	21	S	6	R	17	S	9	R	25	S	28	S
474	1.214-2011	6	R	24	S	32	S	26	S	27	S	6	R	23	S	6	R	17	S	25	S	23	S	28	S
475	1.215-2011	24	S	24	S	25	I	6	R	28	S	6	R	22	S	6	R	6	R	27	S	26	S	28	S
476	1.217-2011	21	S	23	S	30	I	26	S	25	I	22	S	21	S	6	R	23	S	25	S	25	S	31	S
477	1.262-2011	26	S	28	S	29	I	6	R	28	S	6	R	25	S	6	R	6	R	25	S	25	S	27	S
478	1.274-2011	26	S	30	S	30	I	6	R	25	I	6	R	22	S	6	R	6	R	14	R	25	S	26	S
479	1.276-2011	20	S	21	S	28	I	6	R	26	S	20	S	24	S	6	R	20	S	26	S	26	S	30	S
480	1.289-2011	21	S	21	S	31	S	24	S	27	S	21	S	23	S	6	R	21	S	24	S	26	S	27	S
481	1.298-2011	6	R	21	S	22	I	6	R	6	R	6	R	23	S	6	R	6	R	17	R	28	S	31	S
482	1.309-2011	20	S	22	S	27	I	26	S	28	S	20	S	23	S	6	R	18	S	25	S	25	S	27	S
483	1.317-2011	28	S	22	S	32	S	6	R	28	S	23	S	25	S	6	R	22	S	27	S	25	S	25	S
484	1.318-2011	26	S	22	S	31	S	28	S	26	S	23	S	24	S	6	R	23	S	25	S	25	S	28	S
485	1.319-2011	21	S	20	S	28	I	6	R	29	S	20	S	24	S	6	R	18	S	25	S	25	S	29	S
486	1.327-2011	21	S	23	S	26	I	6	R	29	S	6	R	24	S	6	R	19	S	25	S	26	S	30	S
487	1.335-2011	6	R	22	S	27	I	6	R	6	R	6	R	20	S	6	R	6	R	13	R	24	S	25	S
488	1.337-2011	6	R	21	S	27	I	22	S	29	S	6	R	25	S	6	R	20	S	26	S	25	S	30	S
489	1.341-2011	6	R	21	S	30	I	6	R	23	I	18	I	22	S	6	R	20	S	24	S	25	S	28	S
490	1.385-2011	23	S	24	S	28	I	6	R	27	S	6	R	24	S	9	R	6	R	26	S	25	S	27	S
491	1.386-2011	23	S	24	S	34	S	28	S	28	S	6	R	24	S	21	S	18	S	27	S	24	S	28	S
492	1.392-2011	21	S	25	S	28	I	6	R	27	S	6	R	22	S	8	R	6	R	25	S	24	S	27	S
493	1.393-2011	24	S	29	S	30	I	6	R	30	S	6	R	25	S	10	R	6	R	27	S	26	S	29	S
494	1.417-2011	6	R	21	S	25	I	6	R	6	R	6	R	22	S	8	R	6	R	12	R	25	S	27	S
495	1.421-2011	23	S	22	S	29	I	25	S	30	S	6	R	25	S	15	I	22	S	28	S	26	S	29	S
496	1.423-2011	22	S	23	S	27	I	26	S	31	S	6	R	26	S	13	R	23	S	28	S	25	S	26	S
497	1.424-2011	21	S	22	S	26	I	27	S	30	S	6	R	25	S	13	R	23	S	28	S	26	S	28	S
498	1.437-2011	19	S	25	S	28	I	6	R	31	S	6	R	26	S	8	R	6	R	29	S	28	S	30	S
499	1.447-2011	21	S	26	S	32	S	26	S	32	S	24	S	25	S	20	S	20	S	27	S	26	S	30	S
500	2.509-2011	23	S	23	S	28	I	26	S	8	R	12	R	23	S	6	R	6	R	12	S	28	S	29	S
501	1.536-2011	6	R	6	R	28	I	6	R	6	R	6	R	20	S	10	R	6	R	6	R	27	S	29	S

502	1.577-2011	20	S	24	S	23	I	26	S	30	S	10	R	23	S	18	S	18	S	27	S	27	S	28	S
503	1.578-2011	21	S	23	S	28	I	25	S	28	S	20	S	23	S	19	S	19	S	25	S	27	S	27	S
504	1.580-2011	21	S	23	S	33	S	27	S	30	S	21	S	24	S	18	S	19	S	28	S	26	S	28	S
505	1.598-2011	21	S	24	S	32	S	24	S	29	S	20	S	22	S	21	S	19	S	23	S	26	S	27	S
506	6.069-2011	21	S	23	S	29	I	25	S	30	S	22	S	23	S	20	S	19	S	25	S	27	S	28	S
507	1.002-2011	6	R	21	S	30	I	25	S	15	R	20	S	20	S	19	S	20	S	6	R	28	S	29	S
508	1.009-2011	20	S	20	S	29	I	28	S	28	S	19	S	22	S	14	R	21	S	22	S	28	S	30	S
509	1.364-2012	21	S	22	S	27	I	25	S	26	S	6	R	23	S	15	I	20	S	25	S	27	S	29	S
510	1.388-2012	20	S	21	S	30	I	26	S	26	S	21	S	24	S	12	R	20	S	24	S	28	S	29	S
511	1.410-2012	21	S	24	S	25	I	25	S	29	S	9	R	25	S	18	S	6	R	25	S	27	S	30	S
512	1.425-2012	21	S	21	S	29	I	24	S	27	S	20	S	24	S	18	S	19	S	24	S	26	S	27	S
513	1.448-2012	27	S	24	S	27	I	27	S	29	S	21	S	26	S	19	S	30	S	28	S	27	S	29	S
514	1.465-2012	17	S	18	S	25	I	6	R	29	S	6	R	25	S	8	R	6	R	25	S	27	S	30	S
515	3.475-2012	14	I	20	S	24	I	6	R	26	S	6	R	20	S	7	R	6	R	20	I	26	S	29	S
516	1.516-2012	22	S	23	S	27	I	6	R	29	S	6	R	24	S	9	R	6	R	25	S	28	S	29	S
517	1.540-2012	6	R	6	R	22	I	6	R	6	R	6	R	21	S	8	R	6	R	20	I	27	S	29	S
518	1.552-2012	6	R	6	R	24	I	6	R	8	R	6	R	20	S	9	R	6	R	18	I	27	S	30	S
519	1.555-2012	23	S	23	S	27	I	6	R	25	I	6	R	22	S	8	R	6	R	23	S	29	S	31	S
520	1.574-2012	22	S	18	S	27	I	6	R	30	S	6	R	25	S	9	R	6	R	25	S	29	S	31	S
521	1.576-2012	22	S	23	S	28	I	27	S	30	S	21	S	24	S	13	R	21	S	26	S	30	S	32	S
522	1.577-2012	22	S	21	S	29	I	25	S	30	S	20	S	25	S	18	S	19	S	25	S	28	S	31	S
523	2.579-2012	20	S	25	S	28	I	26	S	28	S	21	S	24	S	18	S	20	S	25	S	28	S	30	S
524	2.580-2012	21	S	23	S	28	I	28	S	28	S	21	S	24	S	17	S	21	S	25	S	29	S	31	S
525	2.582-2012	22	S	24	S	28	I	25	S	29	S	22	S	25	S	17	S	21	S	26	S	28	S	31	S
526	2.583-2012	22	S	24	S	29	I	26	S	29	S	21	S	25	S	17	S	20	S	26	S	30	S	32	S
527	2.584-2012	21	S	24	S	28	I	26	S	28	S	21	S	24	S	17	S	20	S	26	S	28	S	30	S
528	2.587-2012	22	S	24	S	28	I	26	S	28	S	21	S	24	S	17	S	20	S	25	S	28	S	31	S
529	2.589-2012	22	S	24	S	28	I	26	S	29	S	22	S	25	S	17	S	21	S	26	S	28	S	31	S
530	2.590-2012	22	S	25	S	29	I	26	S	29	S	22	S	24	S	17	S	20	S	26	S	28	S	30	S
531	1.598-2012	24	S	24	S	26	I	6	R	30	S	6	R	28	S	15	I	6	R	28	S	29	S	31	S
532	1.613-2012	6	R	6	R	27	I	6	R	6	R	6	R	13	R	9	R	6	R	20	I	28	S	31	S
533	1.614-2012	20	S	20	S	22	I	25	S	29	S	6	R	22	S	14	R	17	S	24	S	27	S	30	S
534	1.615-2012	14	I	19	S	24	I	20	S	26	S	6	R	25	S	13	R	16	S	25	S	28	S	32	S
535	3.634-2012	23	S	25	S	32	S	23	S	30	S	6	R	28	S	19	S	22	S	23	S	27	S	29	S
536	1.648-2012	21	S	23	S	25	I	27	S	30	S	10	R	25	S	11	R	18	S	25	S	26	S	29	S
537	1.674-2012	22	S	24	S	30	I	25	S	30	S	20	S	20	S	20	S	6	R	19	I	26	S	29	S
538	1.687-2012	22	S	23	S	26	I	6	R	27	S	6	R	24	S	8	R	6	R	22	S	27	S	29	S
539	1.688-2012	21	S	24	S	29	I	25	S	28	S	21	S	24	S	18	S	30	S	25	S	26	S	29	S
540	1.696-2012	19	S	22	S	28	I	26	S	27	S	22	S	23	S	14	R	16	S	25	S	28	S	30	S
541	1.698-2012	21	S	23	S	32	S	26	S	29	S	21	S	24	S	17	S	14	I	26	S	26	S	30	S
542	1.699-2012	24	S	6	R	28	I	6	R	31	S	6	R	27	S	6	R	6	R	28	S	27	S	30	S
543	1.725-2012	6	R	6	R	27	I	21	S	6	R	6	R	13	R	8	R	6	R	17	R	27	S	30	S
544	1.726-2012	22	S	22	S	30	I	28	S	29	S	21	S	23	S	18	S	19	S	25	S	27	S	29	S
545	1.728-2012	22	S	26	S	31	S	30	S	26	S	24	S	22	S	15	I	18	S	23	S	24	S	27	S
546	1.743-2012	6	R	6	R	27	I	6	R	6	R	6	R	15	I	7	R	6	R	18	I	28	S	30	S
547	1.750-2012	6	R	6	R	26	I	6	R	6	R	6	R	15	I	9	R	6	R	20	I	27	S	31	S

548	1.751-2012	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	17	I	9	R	6	R	19	I	28	S	30	S
549	1.780-2012	21	S	6	R	26	I	6	R	26	S	6	R	23	S	8	R	6	R	24	S	28	S	30	S
550	1.782-2012	20	S	23	S	31	S	23	S	28	S	21	S	25	S	20	S	19	S	25	S	27	S	30	S
551	1.783-2012	19	S	21	S	32	S	26	S	28	S	20	S	24	S	19	S	18	S	24	S	28	S	29	S
552	1.787-2012	11	R	6	R	24	I	6	R	6	R	6	R	21	S	8	R	6	R	19	I	26	S	31	S
553	1.790-2012	20	S	21	S	27	I	24	S	27	S	20	S	24	S	15	I	21	S	26	S	26	S	29	S
554	1.794-2012	24	S	27	S	31	S	25	S	31	S	24	S	25	S	9	R	21	S	29	S	26	S	29	S
555	1.798-2012	21	S	23	S	30	I	26	S	29	S	20	S	24	S	15	I	21	S	25	S	28	S	29	S
556	1.002-2012	21	S	21	S	28	I	26	S	23	I	6	R	30	S	12	R	16	S	19	I	27	S	30	S
557	2.012-2012	6	R	6	R	29	I	20	S	21	R	19	S	30	S	6	R	6	R	14	R	28	S	31	S
558	1.031-2012	20	S	24	S	26	I	6	R	28	S	6	R	24	S	8	R	6	R	23	S	25	S	26	S
559	1.032-2012	18	S	24	S	30	I	23	S	30	S	22	S	18	S	18	S	17	S	26	S	27	S	28	S
560	1.063-2012	20	S	22	S	29	I	23	S	30	S	19	S	23	S	9	R	19	S	25	S	26	S	30	S
561	1.064-2012	21	S	23	S	32	S	24	S	28	S	20	S	23	S	9	R	20	S	25	S	28	S	30	S
562	1.103-2012	10	R	13	I	30	I	20	S	24	I	21	S	21	S	21	S	18	S	25	S	26	S	28	S
563	1.124-2012	6	R	20	S	28	I	6	R	24	I	6	R	8	R	8	R	9	R	25	S	26	S	28	S
564	1.130-2012	6	R	14	I	30	I	17	S	21	R	20	S	8	R	9	R	9	R	27	S	27	S	29	S
565	2.171-2012	20	S	22	S	25	I	24	S	29	S	21	S	21	S	10	R	20	S	23	S	30	S	32	S
566	2.174-2012	6	R	19	S	25	I	23	S	25	I	19	S	9	R	9	R	15	S	24	S	28	S	30	S
567	2.179-2012	22	S	23	S	29	I	25	S	29	S	21	S	22	S	15	I	21	S	26	S	29	S	30	S
568	2.180-2012	22	S	22	S	29	I	25	S	29	S	21	S	21	S	15	I	21	S	26	S	29	S	30	S
569	2.181-2012	21	S	24	S	28	I	26	S	30	S	21	S	24	S	15	I	21	S	26	S	29	S	30	S
570	1.211-2012	22	S	24	S	29	I	28	S	31	S	24	S	26	S	10	R	22	S	27	S	28	S	30	S
571	1.253-2012	19	S	19	S	29	I	6	R	23	I	6	R	24	S	9	R	6	R	25	S	30	S	31	S
572	1.254-2012	21	S	21	S	29	I	26	S	30	S	22	S	24	S	19	S	20	S	24	S	28	S	29	S
573	4.294-2012	24	S	21	S	28	I	6	R	30	S	9	R	24	S	8	R	7	R	25	S	29	S	30	S
574	4.295-2012	23	S	24	S	28	I	6	R	28	S	6	R	24	S	8	R	7	R	29	S	27	S	30	S
575	1.296-2012	22	S	30	S	31	S	30	S	30	S	22	S	25	S	18	S	19	S	29	S	28	S	30	S
576	1.298-2012	23	S	25	S	30	I	28	S	30	S	23	S	25	S	12	R	21	S	27	S	29	S	30	S
577	1.327-2012	24	S	25	S	30	I	28	S	30	S	30	S	26	S	16	I	20	S	30	S	28	S	30	S
578	2.331-2012	22	S	24	S	30	I	29	S	30	S	6	R	26	S	16	I	21	S	27	S	27	S	29	S
579	1.335-2012	20	S	24	S	33	S	25	S	29	S	23	S	25	S	9	R	21	S	26	S	29	S	31	S
580	1.337-2012	19	S	23	S	30	I	26	S	29	S	23	S	24	S	9	R	21	S	28	S	26	S	30	S
581	1.342-2012	19	S	22	S	31	S	23	S	30	S	21	S	25	S	9	R	19	S	26	S	27	S	30	S
582	1.344-2012	6	R	23	S	26	I	6	R	28	S	6	R	20	S	10	R	20	S	26	S	31	S	33	S
583	1.348-2012	20	S	22	S	31	S	26	S	30	S	22	S	23	S	9	R	20	S	26	S	28	S	31	S
584	1.350-2012	22	S	22	S	32	S	26	S	28	S	22	S	26	S	9	R	22	S	26	S	28	S	30	S
585	1.352-2012	21	S	23	S	32	S	27	S	28	S	22	S	24	S	9	R	19	S	25	S	27	S	30	S
586	1.353-2012	20	S	23	S	31	S	26	S	29	S	22	S	26	S	9	R	20	S	26	S	25	S	27	S
587	1.355-2012	21	S	24	S	32	S	25	S	28	S	22	S	24	S	9	R	20	S	26	S	28	S	30	S
588	1.357-2012	21	S	23	S	30	I	26	S	30	S	21	S	25	S	9	R	20	S	25	S	27	S	29	S
589	1.359-2012	20	S	23	S	25	I	25	S	28	S	6	R	22	S	15	I	20	S	25	S	27	S	29	S
590	2.358-2013	21	S	23	S	29	I	26	S	29	S	21	S	24	S	12	R	22	S	25	S	27	S	30	S
591	1.365-2013	6	R	6	R	26	I	6	R	10	R	6	R	23	S	8	R	6	R	20	I	25	S	29	S
592	1.367-2013	6	R	6	R	25	I	6	R	10	R	6	R	21	S	6	R	6	R	23	S	29	S	32	S
593	1.370-2013	18	S	24	S	30	I	24	S	26	S	19	S	24	S	18	S	17	S	21	S	27	S	30	S

594	1.375-2013	6	R	6	R	30	I	6	R	8	R	6	R	20	S	9	R	6	R	21	S	28	S	31	S
595	1.376-2013	19	S	23	S	30	I	25	S	28	S	19	S	15	I	8	R	16	S	26	S	28	S	30	S
596	1.378-2013	20	S	25	S	29	I	26	S	30	S	6	R	24	S	17	S	17	S	28	S	29	S	31	S
597	1.380-2013	6	R	6	R	29	I	16	S	9	R	6	R	21	S	8	R	6	R	20	I	28	S	31	S
598	2.390-2013	23	S	23	S	30	I	26	S	29	S	19	S	25	S	10	R	22	S	25	S	29	S	32	S
599	2.393-2013	22	S	24	S	30	I	26	S	30	S	22	S	26	S	9	R	22	S	25	S	30	S	31	S
600	1.394-2013	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	22	S	8	R	6	R	19	I	29	S	32	S
601	1.407-2013	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	21	S	9	R	6	R	19	I	28	S	32	S
602	2.429-2013	6	R	6	R	23	I	6	R	6	R	6	R	21	S	8	R	6	R	18	I	29	S	32	S
603	1.431-2013	6	R	6	R	24	I	6	R	6	R	6	R	23	S	9	R	6	R	18	I	28	S	30	S
604	1.432-2013	6	R	6	R	24	I	6	R	6	R	6	R	19	S	8	R	6	R	13	R	28	S	31	S
605	4.442-2013	22	S	24	S	30	I	26	S	29	S	20	S	25	S	20	S	22	S	25	S	28	S	31	S
606	4.443-2013	23	S	24	S	29	I	26	S	30	S	21	S	25	S	20	S	23	S	23	S	28	S	30	S
607	2.444-2013	22	S	23	S	30	I	27	S	30	S	21	S	24	S	19	S	22	S	24	S	27	S	30	S
608	1.456-2013	6	R	6	R	27	I	6	R	6	R	6	R	21	S	6	R	6	R	18	I	28	S	30	S
609	1.463-2013	20	S	24	S	30	I	23	S	29	S	19	S	23	S	19	S	15	S	24	S	28	S	30	S
610	1.470-2013	6	R	10	R	24	I	6	R	10	R	6	R	23	S	6	R	10	R	22	S	27	S	30	S
611	1.515-2013	23	S	27	S	30	I	27	S	28	S	22	S	24	S	8	R	23	S	26	S	27	S	30	S
612	1.518-2013	20	S	22	S	24	I	21	S	24	I	20	S	21	S	17	S	18	S	23	S	27	S	31	S
613	1.526-2013	24	S	24	S	25	I	23	S	30	S	6	R	25	S	6	R	6	R	26	S	26	S	28	S
614	1.537-2013	24	S	24	S	31	S	30	S	28	S	6	R	26	S	13	R	23	S	26	S	29	S	32	S
615	1.577-2013	22	S	24	S	24	I	23	S	29	S	6	R	26	S	11	R	21	S	24	S	29	S	32	S
616	1.592-2013	24	S	26	S	30	I	27	S	28	S	24	S	24	S	18	S	23	S	28	S	28	S	30	S
617	1.594-2013	24	S	25	S	30	I	22	S	29	S	22	S	25	S	19	S	6	R	24	S	27	S	30	S
618	1.603-2013	23	S	24	S	29	I	28	S	29	S	22	S	26	S	18	S	22	S	26	S	28	S	30	S
619	1.604-2013	22	S	24	S	27	I	26	S	29	S	22	S	25	S	12	R	21	S	23	S	28	S	31	S
620	1.607-2013	22	S	23	S	30	I	20	S	29	S	22	S	24	S	17	S	6	R	25	S	27	S	30	S
621	3.002-2013	6	R	6	R	23	I	6	R	7	R	6	R	20	S	6	R	6	R	16	R	27	S	29	S
622	1.007-2013	6	R	6	R	24	I	6	R	7	R	6	R	20	S	8	R	6	R	18	I	28	S	31	S
623	1.008-2013	15	I	19	S	23	I	6	R	26	S	6	R	22	S	7	R	6	R	22	S	28	S	31	S
624	1.016-2013	6	R	6	R	23	I	6	R	6	R	6	R	22	S	7	R	6	R	19	I	27	S	31	S
625	1.023-2013	6	R	6	R	26	I	6	R	6	R	6	R	21	S	9	R	6	R	20	I	27	S	30	S
626	1.036-2013	6	R	6	R	26	I	6	R	6	R	6	R	22	S	8	R	6	R	18	I	26	S	31	S
627	1.044-2013	22	S	20	S	28	I	6	R	27	S	6	R	24	S	10	R	6	R	24	S	25	S	27	S
628	1.046-2013	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	21	S	8	R	6	R	18	I	24	S	28	S
629	1.114-2013	19	S	30	S	37	S	32	S	33	S	26	S	29	S	33	S	24	S	31	S	28	S	31	S
630	1.116-2013	18	S	27	S	32	S	30	S	33	S	23	S	29	S	20	S	23	S	29	S	25	S	29	S
631	1.117-2013	20	S	21	S	29	I	20	S	30	S	22	S	21	S	19	S	18	S	24	S	29	S	31	S
632	1.118-2013	22	S	24	S	29	I	26	S	28	S	20	S	24	S	20	S	20	S	26	S	26	S	30	S
633	1.122-2013	18	S	19	S	30	I	20	S	30	S	21	S	20	S	20	S	15	S	21	S	27	S	29	S
634	1.123-2013	24	S	26	S	32	S	29	S	29	S	23	S	24	S	17	S	22	S	26	S	25	S	29	S
635	1.124-2013	16	I	26	S	27	I	31	S	36	S	25	S	27	S	17	S	23	S	30	S	25	S	29	S
636	1.125-2013	22	S	23	S	30	I	25	S	28	S	23	S	25	S	20	S	21	S	26	S	28	S	31	S
637	1.127-2013	24	S	25	S	33	S	30	S	32	S	23	S	24	S	19	S	22	S	24	S	26	S	29	S
638	1.129-2013	26	S	26	S	32	S	30	S	33	S	24	S	24	S	18	S	22	S	24	S	29	S	31	S
639	1.130-2013	25	S	25	S	32	S	30	S	33	S	21	S	25	S	20	S	23	S	28	S	27	S	30	S

640	1.134-2013	17	S	24	S	30	I	28	S	30	S	23	S	25	S	18	S	23	S	28	S	27	S	32	S
641	1.139-2013	17	S	23	S	29	I	25	S	28	S	21	S	21	S	17	S	19	S	23	S	26	S	30	S
642	1.142-2013	26	S	26	S	32	S	21	S	29	S	20	S	25	S	18	S	6	R	28	S	26	S	31	S
643	1.143-2013	20	S	23	S	27	I	27	S	30	S	19	S	24	S	19	S	20	S	26	S	27	S	31	S
644	1.145-2013	22	S	23	S	28	I	25	S	28	S	22	S	25	S	19	S	22	S	27	S	29	S	32	S
645	1.147-2013	6	R	6	R	35	S	40	S	16	R	14	I	24	S	20	S	23	S	6	R	27	S	29	S
646	1.150-2013	25	S	26	S	31	S	30	S	30	S	22	S	26	S	18	S	22	S	28	S	28	S	31	S
647	1.182-2013	22	S	23	S	31	S	26	S	27	S	21	S	23	S	19	S	18	S	23	S	24	S	29	S
648	1.184-2013	6	R	25	S	26	I	6	R	6	R	6	R	19	S	7	R	6	R	18	I	28	S	31	S
649	1.191-2013	6	R	6	R	25	I	18	S	6	R	6	R	20	S	6	R	6	R	19	I	28	S	30	S
650	1.210-2013	22	S	23	S	27	I	25	S	28	S	20	S	25	S	9	R	20	S	24	S	28	S	31	S
651	2.248-2013	6	R	6	R	22	I	6	R	6	R	6	R	23	S	9	R	6	R	20	I	28	S	30	S
652	1.259-2013	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	20	S	8	R	6	R	19	I	29	S	32	S
653	1.275-2013	22	S	23	S	31	S	23	S	28	S	22	S	26	S	16	I	6	R	24	S	27	S	31	S
654	1.306-2013	6	R	6	R	29	I	6	R	6	R	6	R	17	I	6	R	6	R	17	R	29	S	33	S
655	1.309-2013	6	R	6	R	28	I	6	R	11	R	6	R	22	S	6	R	6	R	23	S	29	S	31	S
656	1.311-2013	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	21	S	6	R	6	R	18	I	29	S	32	S
657	1.338-2013	6	R	6	R	24	I	6	R	11	R	6	R	21	S	8	R	6	R	20	I	28	S	32	S
658	1.341-2013	21	S	20	S	31	S	25	S	31	S	18	I	21	S	19	S	16	S	24	S	28	S	33	S
659	2.355-2013	24	S	26	S	29	I	25	S	29	S	21	S	26	S	12	R	22	S	26	S	29	S	31	S
660	2.357-2013	21	S	24	S	31	S	26	S	29	S	21	S	25	S	12	R	21	S	27	S	28	S	32	S
661	1.029-2014	22	S	25	S	25	I	25	S	30	S	6	R	25	S	19	S	18	S	25	S	28	S	32	S
662	1.036-2014	25	S	25	S	31	S	27	S	31	S	20	S	27	S	14	R	21	S	27	S	29	S	32	S
663	1.037-2014	6	R	26	S	25	I	6	R	13	R	16	I	20	S	22	S	23	S	26	S	30	S	30	S
664	1.048-2014	24	S	26	S	29	I	29	S	31	S	22	S	26	S	14	R	22	S	28	S	29	S	32	S
665	1.073-2014	6	R	23	S	22	I	25	S	7	R	6	R	23	S	8	R	6	R	20	I	27	S	31	S
666	1.079-2014	6	R	6	R	26	I	6	R	6	R	6	R	23	S	8	R	6	R	21	S	29	S	31	S
667	1.163-2014	6	R	6	R	27	I	6	R	10	R	6	R	20	S	7	R	6	R	20	I	29	S	31	S
668	1.182-2014	6	R	6	R	26	I	6	R	11	R	6	R	22	S	8	R	6	R	22	S	29	S	31	S
669	1.194-2014	6	R	6	R	24	I	25	S	14	R	6	R	23	S	8	R	6	R	8	R	30	S	32	S
670	2.196-2014	23	S	26	S	31	S	26	S	29	S	22	S	25	S	8	R	21	S	26	S	29	S	31	S
671	1.269-2014	6	R	6	R	6	R	6	R	6	R	6	R	18	S	6	R	6	R	21	S	28	S	31	S
672	1.271-2014	23	S	26	S	25	I	27	S	29	S	22	S	23	S	14	R	25	S	25	S	30	S	32	S
673	1.285-2014	6	R	6	R	22	I	6	R	6	R	6	R	21	S	7	R	6	R	26	S	29	S	31	S
674	1.330-2014	21	S	22	S	29	I	26	S	25	I	22	S	23	S	18	S	20	S	25	S	27	S	30	S
675	1.343-2014	6	R	6	R	17	R	6	R	6	R	6	R	21	S	8	R	6	R	18	I	29	S	31	S
676	1.350-2014	6	R	6	R	24	I	6	R	9	R	6	R	24	S	8	R	6	R	21	S	29	S	32	S
677	1.475-2014	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	22	S	9	R	6	R	19	I	30	S	32	S
678	1.476-2014	6	R	6	R	23	I	6	R	8	R	6	R	22	S	9	R	6	R	20	I	30	S	31	S
679	1.477-2014	6	R	27	S	28	I	26	S	30	S	6	R	22	S	19	S	6	R	29	S	27	S	30	S
680	1.489-2014	24	S	26	S	32	S	29	S	32	S	23	S	20	S	15	I	21	S	30	S	30	S	32	S
681	1.490-2014	24	S	26	S	33	S	30	S	33	S	23	S	26	S	15	I	23	S	32	S	28	S	31	S
682	1.565-2014	6	R	6	R	26	I	6	R	6	R	6	R	19	S	9	R	6	R	17	R	30	S	32	S
683	2.578-2014	19	S	21	S	27	I	24	S	26	S	20	S	22	S	8	R	19	S	21	S	29	S	32	S
684	1.595-2014	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	20	S	10	R	6	R	18	I	28	S	30	S
685	1.605-2014	6	R	6	R	8	R	6	R	6	R	6	R	21	S	8	R	6	R	20	I	29	S	31	S

686	1.615-2014	6	R	6	R	26	I	6	R	6	R	6	R	17	I	6	R	6	R	16	R	27	S	31	S
687	1.628-2014	6	R	6	R	24	I	6	R	8	R	6	R	20	S	6	R	6	R	20	I	29	S	32	S
688	1.635-2014	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	20	S	8	R	6	R	20	I	28	S	31	S
689	1.644-2014	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	21	S	8	R	6	R	18	I	30	S	33	S
690	1.649-2014	6	R	23	S	26	I	24	S	28	S	19	S	22	S	15	I	20	S	24	S	27	S	30	S
691	1.668-2014	6	R	6	R	27	I	6	R	12	R	6	R	24	S	8	R	6	R	22	S	30	S	32	S
692	1.670-2014	21	S	23	S	28	I	25	S	29	S	21	S	24	S	9	R	21	S	27	S	29	S	32	S
693	1.671-2014	6	R	6	R	27	I	6	R	10	R	6	R	23	S	8	R	6	R	20	I	29	S	32	S
694	1.674-2014	24	S	6	R	27	I	6	R	29	S	6	R	24	S	8	R	6	R	25	S	27	S	30	S
695	1.686-2014	6	R	6	R	26	I	6	R	9	R	6	R	24	S	9	R	6	R	20	I	30	S	32	S
696	1.688-2014	6	R	23	S	24	I	6	R	6	R	6	R	24	S	10	R	8	R	20	I	27	S	30	S
697	1.693-2014	24	S	25	S	30	I	26	S	28	S	15	I	26	S	10	R	24	S	25	S	30	S	32	S
698	1.695-2014	6	R	25	S	25	I	6	R	8	R	6	R	24	S	9	R	6	R	21	S	27	S	31	S
699	1.799-2014	6	R	6	R	21	I	6	R	8	R	6	R	24	S	8	R	6	R	21	S	32	S	33	S
700	1.813-2014	22	S	24	S	30	I	25	S	31	S	23	S	25	S	21	S	20	S	25	S	29	S	31	S
701	1.991-2014	19	S	20	S	29	I	18	S	30	S	6	R	26	S	23	S	19	S	27	S	28	S	29	S
702	1.154-2015	6	R	6	R	24	I	6	R	9	R	6	R	24	S	10	R	6	R	22	S	27	S	32	S
703	1.157-2015	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	23	S	8	R	6	R	15	R	28	S	30	S
704	1.165-2015	23	S	22	S	24	I	26	S	30	S	6	R	25	S	20	S	22	S	25	S	28	S	32	S
705	1.166-2015	21	S	23	S	27	I	26	S	30	S	21	S	25	S	21	S	21	S	27	S	26	S	30	S
706	1.167-2015	23	S	24	S	31	S	29	S	30	S	22	S	26	S	17	S	21	S	28	S	30	S	32	S
707	1.173-2015	6	R	6	R	26	I	6	R	6	R	6	R	26	S	8	R	6	R	22	S	28	S	29	S
708	1.175-2015	6	R	26	S	27	I	28	S	30	S	6	R	20	S	21	S	6	R	26	S	28	S	31	S
709	1.176-2015	23	S	22	S	31	S	28	S	30	S	22	S	25	S	10	R	23	S	26	S	30	S	32	S
710	1.177-2015	6	R	6	R	26	I	6	R	6	R	6	R	24	S	10	R	6	R	22	S	27	S	28	S
711	1.181-2015	6	R	6	R	26	I	6	R	6	R	6	R	23	S	9	R	6	R	22	S	29	S	31	S
712	1.215-2015	25	S	25	S	31	S	29	S	33	S	25	S	28	S	11	R	26	S	29	S	29	S	33	S
713	1.331-2015	18	S	17	I	26	I	20	S	27	S	14	I	23	S	17	S	16	S	23	S	27	S	31	S
714	1.333-2015	20	S	24	S	31	S	22	S	29	S	15	I	25	S	15	I	20	S	25	S	31	S	33	S
715	1.335-2015	6	R	6	R	26	I	6	R	6	R	6	R	21	S	9	R	6	R	20	I	28	S	31	S
716	1.336-2015	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	22	S	9	R	6	R	20	I	30	S	32	S
717	1.338-2015	23	S	6	R	26	I	6	R	29	S	6	R	24	S	6	R	6	R	24	S	28	S	31	S
718	1.339-2015	6	R	22	S	21	I	20	S	6	R	6	R	17	I	17	S	6	R	11	R	29	S	32	S
719	6.383-2015	22	S	25	S	32	S	21	S	29	S	23	S	25	S	18	S	19	S	27	S	30	S	32	S
720	2.402-2015	23	S	22	S	32	S	24	S	30	S	23	S	25	S	21	S	18	S	25	S	29	S	32	S
721	2.406-2015	16	I	19	S	25	I	6	R	28	S	6	R	22	S	8	R	6	R	22	S	30	S	32	S
722	2.440-2015	24	S	25	S	31	S	27	S	30	S	23	S	25	S	17	S	25	S	26	S	30	S	33	S
723	2.442-2015	23	S	24	S	31	S	26	S	31	S	25	S	27	S	13	R	25	S	27	S	30	S	32	S
724	1.453-2015	23	S	24	S	31	S	27	S	30	S	23	S	25	S	13	R	25	S	26	S	29	S	31	S
725	1.454-2015	6	R	21	S	23	I	6	R	6	R	6	R	22	S	6	R	6	R	21	S	31	S	33	S
726	1.455-2015	16	I	6	R	25	I	6	R	31	S	6	R	19	S	23	S	6	R	27	S	29	S	31	S
727	1.457-2015	6	R	6	R	22	I	6	R	6	R	6	R	23	S	9	R	6	R	19	I	29	S	32	S
728	1.458-2015	6	R	6	R	31	S	26	S	29	S	24	S	20	S	10	R	25	S	26	S	30	S	32	S
729	1.472-2015	23	S	24	S	32	S	27	S	28	S	21	S	23	S	15	I	24	S	25	S	31	S	30	S
730	1.476-2015	6	R	6	R	26	I	6	R	6	R	6	R	22	S	9	R	6	R	22	S	28	S	29	S
731	1.486-2015	6	R	6	R	28	I	6	R	6	R	6	R	22	S	9	R	6	R	22	S	27	S	29	S

732	1.524-2015	22	S	23	S	32	S	21	S	26	S	22	S	24	S	21	S	18	S	23	S	27	S	30	S
733	1.525-2015	21	S	22	S	22	I	21	S	26	S	6	R	25	S	14	R	18	S	25	S	29	S	31	S
734	1.530-2015	22	S	21	S	25	I	26	S	28	S	10	R	20	S	13	R	20	S	23	S	26	S	30	S
735	1.533-2015	19	S	22	S	27	I	26	S	27	S	22	S	24	S	15	I	20	S	24	S	28	S	31	S
736	1.626-2015	22	S	23	S	28	I	24	S	28	S	20	S	22	S	12	R	20	S	24	S	29	S	32	S
737	1.627-2015	6	R	6	R	20	R	6	R	6	R	6	R	21	S	6	R	6	R	20	I	28	S	31	S
738	1.027-2016	6	R	23	S	19	R	26	S	29	S	6	R	13	R	20	S	6	R	24	S	26	S	28	S
739	1.086-2016	6	R	20	S	21	I	23	S	25	I	6	R	15	I	17	S	6	R	19	I	28	S	30	S
740	1.002-2015	23	S	24	S	29	I	24	S	29	S	21	S	24	S	10	R	20	S	24	S	28	S	30	S
741	1.009-2015	21	S	24	S	29	I	24	S	29	S	21	S	24	S	15	I	19	S	25	S	29	S	33	S
742	1.013-2015	22	S	22	S	32	S	24	S	28	S	21	S	24	S	22	S	19	S	24	S	28	S	31	S
743	1.026-2015	21	S	22	S	26	I	22	S	28	S	6	R	24	S	16	I	18	S	23	S	27	S	30	S
744	1.029-2015	21	S	24	S	31	S	24	S	31	S	21	S	24	S	11	R	20	S	27	S	28	S	29	S
745	1.030-2015	6	R	21	S	24	I	6	R	8	R	6	R	21	S	8	R	6	R	20	I	30	S	31	S
746	1.037-2015	6	R	6	R	26	I	21	S	6	R	6	R	19	S	9	R	6	R	20	I	28	S	31	S
747	1.038-2015	22	S	24	S	31	S	24	S	29	S	21	S	24	S	18	S	22	S	27	S	31	S	34	S
748	1.060-2015	21	S	25	S	31	S	28	S	28	S	22	S	25	S	16	I	23	S	26	S	31	S	34	S
749	1.061-2015	6	R	26	S	20	R	28	S	31	S	6	R	19	S	22	S	6	R	26	S	26	S	30	S
750	1.066-2015	6	R	6	R	24	I	6	R	8	R	6	R	24	S	8	R	6	R	21	S	30	S	31	S
751	1.079-2015	22	S	23	S	29	I	26	S	30	S	23	S	26	S	21	S	22	S	25	S	27	S	31	S
752	1.080-2015	6	R	6	R	28	I	6	R	6	R	6	R	25	S	8	R	6	R	22	S	31	S	33	S
753	1.083-2015	6	R	24	S	22	I	6	R	8	R	6	R	24	S	6	R	6	R	20	I	29	S	31	S
754	1.085-2015	6	R	6	R	25	I	6	R	6	R	6	R	23	S	8	R	6	R	20	I	27	S	30	S
755	1.086-2015	22	S	25	S	31	S	26	S	29	S	21	S	23	S	8	R	22	S	24	S	31	S	33	S
756	1.103-2015	6	R	24	S	26	I	6	R	6	R	6	R	23	S	8	R	6	R	21	S	28	S	31	S
757	1.107-2015	6	R	6	R	24	I	6	R	8	R	6	R	24	S	8	R	6	R	21	S	27	S	30	S
758	1.108-2015	6	R	6	R	24	I	6	R	10	R	6	R	24	S	8	R	6	R	20	I	28	S	29	S
759	1.113-2015	24	S	23	S	31	S	22	S	29	S	21	S	26	S	19	S	6	R	27	S	28	S	30	S
760	1.122-2015	22	S	26	S	31	S	29	S	31	S	22	S	27	S	16	I	24	S	28	S	30	S	33	S
761	1.126-2015	24	S	6	R	24	I	6	R	28	S	6	R	25	S	8	R	6	R	25	S	26	S	30	S
762	1.131-2015	6	R	6	R	25	I	6	R	9	R	6	R	23	S	9	R	6	R	21	S	29	S	31	S
763	3.172-2016	23	S	25	S	32	S	26	S	29	S	23	S	24	S	19	S	22	S	26	S	26	S	28	S
764	3.173-2016	6	R	16	I	30	I	26	S	29	S	20	S	18	S	10	R	24	S	25	S	28	S	30	S
765	1.187-2016	20	S	23	S	28	I	25	S	28	S	22	S	24	S	8	R	21	S	25	S	28	S	30	S
766	1.193-2016	23	S	24	S	31	S	23	S	29	S	22	S	24	S	9	R	19	S	25	S	28	S	30	S
767	1.198-2016	21	S	26	S	31	S	26	S	30	S	23	S	24	S	16	I	20	S	25	S	29	S	31	S
768	2.205-2016	6	R	6	R	31	S	6	R	31	S	22	S	21	S	10	R	6	R	27	S	24	S	26	S
769	1.234-2016	21	S	21	S	21	I	26	S	26	S	19	S	25	S	15	I	17	S	25	S	29	S	29	S
770	1.240-2016	24	S	20	S	31	S	28	S	30	S	20	S	25	S	20	S	25	S	25	S	26	S	29	S
771	3.283-2016	24	S	24	S	29	I	29	S	30	S	22	S	24	S	20	S	23	S	27	S	28	S	30	S
772	3.293-2016	21	S	23	S	26	I	25	S	29	S	21	S	25	S	20	S	21	S	25	S	26	S	29	S
773	3.294-2016	23	S	21	S	26	I	24	S	29	S	21	S	24	S	20	S	20	S	23	S	27	S	29	S
774	1.303-2016	6	R	20	S	25	I	23	S	25	I	20	S	15	I	17	S	6	R	21	S	26	S	29	S
775	2.318-2016	15	I	23	S	25	I	24	S	30	S	6	R	26	S	10	R	22	S	26	S	29	S	30	S
776	1.368-2016	6	R	6	R	23	I	6	R	6	R	6	R	19	S	6	R	6	R	18	I	28	S	29	S
777	3.371-2016	20	S	21	S	29	I	25	S	27	S	22	S	25	S	20	S	22	S	23	S	26	S	29	S

778	3.373-2016	18	S	24	S	32	S	18	S	27	S	20	S	24	S	18	S	21	S	23	S	27	S	30	S
779	3.374-2016	22	S	21	S	26	I	26	S	28	S	23	S	19	S	18	S	18	S	23	S	26	S	28	S
780	3.375-2016	22	S	20	S	28	I	25	S	27	S	23	S	23	S	19	S	22	S	24	S	26	S	29	S
781	1.395-2016	23	S	22	S	21	I	27	S	30	S	10	R	25	S	20	S	6	R	25	S	27	S	30	S
782	1.398-2016	6	R	25	S	10	R	27	S	32	S	6	R	24	S	20	S	6	R	28	S	29	S	30	S
783	2.400-2016	21	S	25	S	30	I	25	S	30	S	22	S	26	S	9	R	24	S	26	S	27	S	29	S
784	1.428-2016	6	R	23	S	31	S	24	S	30	S	20	S	20	S	8	R	24	S	24	S	27	S	30	S
785	1.429-2016	6	R	23	S	29	I	25	S	30	S	6	R	20	S	17	S	6	R	29	S	27	S	29	S
786	1.450-2016	23	S	26	S	26	I	24	S	31	S	6	R	27	S	16	I	6	R	27	S	26	S	30	S
787	1.461-2016	21	S	22	S	24	I	6	R	29	S	6	R	23	S	16	I	23	S	23	S	25	S	27	S
788	1.469-2016	23	S	24	S	32	S	25	S	30	S	22	S	25	S	20	S	22	S	26	S	27	S	28	S
789	1.471-2016	22	S	26	S	25	I	26	S	30	S	10	R	25	S	20	S	24	S	26	S	26	S	28	S
790	1.484-2016	24	S	25	S	28	I	27	S	30	S	6	R	26	S	11	R	27	S	28	S	28	S	30	S
791	4.492-2016	22	S	23	S	25	I	25	S	30	S	20	S	27	S	27	S	23	S	19	I	26	S	29	S
792	1.500-2016	22	S	26	S	31	S	27	S	30	S	24	S	26	S	12	R	21	S	26	S	27	S	29	S
793	1.506-2016	6	R	6	R	25	I	6	R	31	S	9	R	22	S	17	S	6	R	26	S	26	S	28	S
794	1.010-2017	6	R	25	S	31	S	25	S	30	S	20	S	25	S	10	R	24	S	25	S	26	S	28	S
795	1.565-2016	6	R	28	S	24	I	27	S	33	S	19	S	22	S	18	S	6	R	32	S	28	S	30	S
796	1.575-2016	6	R	23	S	22	I	25	S	29	S	20	S	20	S	21	S	6	R	28	S	28	S	29	S
797	1.595-2016	26	S	26	S	26	I	28	S	32	S	19	S	28	S	24	S	25	S	30	S	26	S	28	S
798	1.596-2016	25	S	26	S	25	I	28	S	33	S	19	S	26	S	23	S	25	S	30	S	30	S	30	S
799	1.119-2017	22	S	6	R	26	I	6	R	30	S	11	R	24	S	20	S	6	R	24	S	25	S	28	S
800	1.124-2017	24	S	23	S	32	S	28	S	29	S	20	S	24	S	20	S	19	S	23	S	25	S	29	S
801	1.127-2017	22	S	25	S	32	S	26	S	28	S	21	S	24	S	16	I	19	S	26	S	26	S	28	S
802	1.181-2017	23	S	6	R	25	I	6	R	30	S	12	R	23	S	20	S	6	R	23	S	28	S	31	S
803	1.004-2017	21	S	23	S	32	S	24	S	29	S	22	S	24	S	20	S	24	S	24	S	27	S	29	S
804	1.024-2017	21	S	26	S	31	S	26	S	28	S	20	S	26	S	10	R	24	S	27	S	27	S	31	S
805	1.043-2017	20	S	23	S	29	I	24	S	26	S	18	I	22	S	20	S	6	R	29	S	26	S	29	S
806	3.049-2017	20	S	24	S	28	I	23	S	27	S	6	R	23	S	21	S	21	S	23	S	27	S	30	S
807	3.054-2017	20	S	22	S	28	I	24	S	29	S	20	S	24	S	14	R	22	S	24	S	27	S	28	S
808	3.055-2017	21	S	22	S	29	I	24	S	29	S	20	S	25	S	15	I	23	S	24	S	29	S	30	S
809	1.057-2017	6	R	25	S	13	R	28	S	29	S	6	R	22	S	19	S	6	R	29	S	28	S	30	S
810	2.066-2017	24	S	25	S	26	I	25	S	28	S	11	R	24	S	20	S	21	S	24	S	27	S	29	S
811	2.067-2017	24	S	24	S	26	I	26	S	23	I	13	R	25	S	20	S	19	S	30	S	27	S	31	S
812	1.184-2017	22	S	23	S	28	I	26	S	29	S	20	S	23	S	10	R	20	S	25	S	26	S	30	S
813	1.185-2017	23	S	6	R	25	I	6	R	29	S	11	R	24	S	20	S	6	R	24	S	27	S	29	S
814	1.191-2017	23	S	25	S	26	I	28	S	36	S	14	I	23	S	20	S	21	S	26	S	26	S	29	S
815	3.205-2017	23	S	22	S	26	I	26	S	30	S	10	R	23	S	21	S	18	S	24	S	26	S	28	S
816	6.199-2017	6	R	22	S	32	S	23	S	29	S	19	S	15	I	21	S	21	S	18	I	27	S	30	S
817	1.207-2017	21	S	22	S	27	I	25	S	30	S	20	S	24	S	16	I	19	S	25	S	27	S	29	S
818	3.266-2017	22	S	25	S	25	I	26	S	32	S	6	R	28	S	22	S	21	S	21	S	30	S	32	S
819	1.286-2017	24	S	6	R	27	I	6	R	28	S	14	I	27	S	21	S	6	R	26	S	26	S	28	S
820	1.293-2017	22	S	6	R	26	I	6	R	31	S	14	I	25	S	19	S	6	R	27	S	28	S	32	S
821	3.562-2017	22	S	24	S	33	S	25	S	31	S	21	S	23	S	20	S	20	S	26	S	26	S	28	S
822	3.563-2017	21	S	24	S	25	I	25	S	30	S	21	S	23	S	19	S	19	S	24	S	27	S	29	S
823	3.564-2017	20	S	23	S	32	S	25	S	31	S	21	S	25	S	20	S	20	S	24	S	27	S	30	S

824	3.565-2017	20	S	21	S	31	S	26	S	31	S	21	S	27	S	19	S	20	S	24	S	25	S	28	S
825	3.566-2017	22	S	24	S	26	I	24	S	29	S	19	S	24	S	17	S	19	S	23	S	26	S	29	S
826	3.567-2017	23	S	24	S	34	S	26	S	28	S	21	S	22	S	21	S	20	S	25	S	25	S	29	S
827	3.568-2017	19	S	20	S	33	S	24	S	31	S	21	S	24	S	20	S	19	S	24	S	25	S	28	S
828	3.569-2017	20	S	24	S	31	S	26	S	30	S	21	S	24	S	19	S	21	S	26	S	26	S	28	S
829	3.570-2017	21	S	22	S	31	S	25	S	30	S	19	S	23	S	18	S	24	S	25	S	27	S	28	S
830	3.574-2017	22	S	21	S	31	S	25	S	28	S	20	S	23	S	18	S	19	S	24	S	25	S	27	S
831	3.575-2017	22	S	24	S	31	S	24	S	30	S	19	S	21	S	19	S	18	S	21	S	26	S	28	S
832	3.579-2017	23	S	22	S	33	S	40	S	30	S	22	S	24	S	20	S	16	S	32	S	27	S	29	S
833	3.581-2017	22	S	24	S	33	S	25	S	30	S	22	S	25	S	20	S	20	S	26	S	26	S	29	S
834	3.582-2017	21	S	24	S	32	S	23	S	29	S	21	S	24	S	19	S	19	S	24	S	25	S	28	S
835	3.583-2017	22	S	24	S	34	S	25	S	29	S	22	S	23	S	20	S	19	S	26	S	26	S	29	S
836	3.584-2017	23	S	21	S	32	S	29	S	21	R	21	S	21	S	20	S	20	S	28	S	25	S	28	S
837	3.588-2017	6	R	6	R	22	I	6	R	8	R	6	R	15	I	6	R	6	R	6	R	27	S	30	S
838	3.592-2017	6	R	6	R	21	I	24	S	10	R	6	R	23	S	21	S	22	S	23	S	28	S	30	S
839	3.594-2017	22	S	26	S	31	S	27	S	33	S	16	I	28	S	24	S	21	S	27	S	27	S	29	S
840	3.596-2017	6	R	6	R	30	I	6	R	10	R	6	R	19	S	8	R	6	R	22	S	28	S	30	S
841	3.595-2017	6	R	6	R	23	I	6	R	6	R	6	R	21	S	6	R	6	R	20	I	28	S	31	S
842	3.742-2017	6	R	6	R	25	I	6	R	9	R	6	R	23	S	9	R	6	R	21	S	29	S	31	S

AMP: Ampicilina; **AMC:** Amoxicilina-ácido clavulánico; **CTX:** Cefotaxima; **CAZ:** Ceftazidima; **FEP:** Cefepima; **FOX:** Cefoxitina; **CIP:** Ciprofloxacina; **NA:** Ácido nalidíxico; **SXT:** Sulfametoxazol-trimetoprima; **TE:** Tetraciclina; **C:** Cloranfenicol; **N:** Nitrofurantoína; **IMI:** Imipenem; **MER:** Meropenem.

Anexo 4. Métricas de calidad de los genomas de *Salmonella* no tifoidea secuenciados en este estudio.

Nro de orden	Código del aislado	Nro de contigs	Contig más largo	Tamaño total	G+C (%)	N50	N75	L50	L75
1	3.119-1999	260	120886	4603601	51.85	30931	17179	41	91
2	3.105-1999	261	129391	4603027	51.84	30900	17332	43	93
3	3.110-1999	31	713779	4711768	52.1	406118	227729	4	8
4	3.112-1999	34	713779	4709785	52.1	318309	225270	6	10
5	2.824-1999	33	1024681	4718639	52.1	400844	227584	4	8
6	3.056-1999	206	212352	4819725	52.09	55494	33546	30	58
7	3.026-1999	50	651738	4759288	52.18	225660	129367	6	12
8	2.236-1999	285	92321	4587473	51.82	27674	14690	52	107
9	2.848-1999	180	146041	4592609	51.98	38670	23580	35	72
10	2.840-1999	91	383230	4659620	52.03	93025	53893	15	32
11	2.846-1999	148	281305	4620789	51.97	55774	27882	22	53
12	2.838-1999	296	86715	4582254	51.8	27193	14352	50	108
13	1.389-1999	58	859452	4878816	52.13	222244	129571	7	14
14	1.480-1999	29	1305213	4687942	52.11	406041	227578	3	7
15	2.352-1999	78	375986	4655996	52.02	88775	61490	14	30
16	2.694-1999	59	720892	4876083	52.12	224676	129284	7	15
17	1.299-1999	29	1305211	4688025	52.11	406075	227578	3	7
18	2.834-1999	35	713779	4711771	52.1	318340	225270	6	10
19	2.850-1999	35	647545	4686078	52.1	227578	170962	6	11
20	2.852-1999	31	679407	4686415	52.11	400124	227578	5	9
21	2.835-1999	32	1079355	4682821	52.1	318289	190187	4	9
22	2.849-1999	57	400916	4623280	52.07	150357	78024	10	21
23	2.586-1999	108	654267	4901283	52.08	179832	84317	8	18
24	2.588-1999	372	93178	4726889	52.07	21877	11347	67	142
25	2.003-2000	285	208717	4718188	51.85	44574	20244	31	70
26	2.055-2000	279	93433	4717477	51.94	30369	15277	48	101
27	4.064-2000	156	267428	4741090	51.94	53889	26035	27	58
28	1.615-2000	36	713755	4710411	52.1	345151	170987	5	10
29	1.629-2000	80	460704	4703828	52.1	110059	66403	12	26
30	2.674-2000	86	542983	4885053	52.08	112625	62956	10	24
31	2.677-2000	113	232903	4778367	52.13	71553	39762	20	42
32	2.066-2000	297	135185	4708943	52.03	27776	14474	48	105
33	2.097-2000	268	111270	4752008	51.93	39780	17906	39	82
34	2.240-2000	72	529190	4680678	51.98	146776	92669	10	21

35	1.354-2000	29	1079464	4728610	52.07	406075	227578	4	7
36	2.390-2000	106	481410	4961559	51.78	77341	43267	14	36
37	2.391-2000	66	647386	4813985	51.99	166974	77089	9	21
38	2.393-2000	474	62564	4643636	51.75	16449	84167	80	178
39	1.235-2000	292	97729	4684639	51.87	26135	15021	55	113
40	2.394-2000	294	116740	4685467	51.84	26188	15607	54	111
41	2.701-2000	174	138033	4835549	52.07	47324	25633	31	65
42	2.823-2000	115	443845	4836893	52.11	86590	47210	15	34
43	2.828-2000	280	131099	4536216	52.09	28070	16341	48	100
44	2.830-2000	106	243177	4610565	52.12	82081	41170	17	38
45	2.833-2000	95	455280	4811168	52.09	108155	54535	14	29
46	2.917-2000	88	622171	4817496	52.1	108155	54794	11	26
47	1.942-2000	118	263972	4808191	52.07	76751	42859	18	39
48	1.944-2000	60	622050	4858966	52.16	270561	138996	6	12
49	1.1028-2000	88	401486	4861855	52.11	121752	61152	13	27
50	2.780-2000	60	622051	4858565	52.16	270561	149422	6	12
51	2.817-2000	64	622051	4858432	52.16	208511	125127	7	15
52	2.808-2000	116	276285	4849306	52.07	90456	44483	17	38
53	2.812-2000	82	546130	4863074	52.09	138998	60507	10	24
54	2.445-2001	53	868709	4731987	52.14	234902	117203	5	13
55	2.455-2001	51	868592	4696421	52.15	234902	117190	5	12
56	2.456-2001	53	868709	4690526	52.16	215822	117200	6	14
57	1.358-2001	74	296147	4602563	52.13	162486	79184	11	22
58	2.558-2001	35	943469	4702926	52.09	221864	140133	5	11
59	2.566-2001	61	766148	4694768	52.14	165570	93143	5	15
60	2.567-2001	52	868406	4718761	52.14	183477	118383	6	14
61	1.607-2001	49	868709	4698015	52.15	234902	124637	5	12
62	2.615-2001	33	923780	4711484	52.1	340993	192896	4	9
63	2.629-2001	38	713680	4703176	52.09	221874	160184	6	12
64	2.006-2001	69	622045	4861220	52.15	225558	108158	6	14
65	2.007-2001	59	622051	4859048	52.16	376535	149422	5	11
66	2.011-2001	121	336984	4798848	52.08	85375	40371	18	37
67	2.004-2001	57	647378	4667216	52.05	157198	77110	7	18
68	2.015-2001	135	155065	4628619	51.99	64936	27673	24	51
69	2.121-2001	110	268836	4829995	52.09	90456	45482	16	34
70	2.288-2001	177	313033	4627935	51.96	43499	23982	28	64
71	1.676-2001	129	263907	4843755	52.06	66484	39807	22	45
72	1.653-2001	140	264011	4798402	52.06	65406	32593	22	45

73	2.814-2000	78	576922	4843765	52.13	138998	66494	10	22
74	2.802-2001	60	622057	4863533	52.16	271136	138998	6	12
75	2.816-2001	63	479373	4860040	52.16	225558	108158	7	14
76	2.817-2001	117	455223	4809228	52.08	75733	44011	17	38
77	2.836-2001	65	622051	4860112	52.16	225558	108155	6	14
78	2.837-2001	197	245421	4782361	52.06	49803	24367	31	67
79	2.838-2001	61	622057	4860763	52.16	271136	138998	6	12
80	2.839-2001	104	455281	4834391	52.1	103719	47270	14	32
81	2.842-2001	195	114505	4636258	51.92	38708	21372	36	77
82	2.846-2001	128	307741	4715504	52.06	150214	66137	11	22
83	2.847-2001	165	233716	4640617	52.03	45757	25308	28	61
84	2.850-2001	31	713779	4708456	52.09	345164	225270	5	9
85	2.853-2001	85	351432	4673980	52.1	117150	66374	13	26
86	2.884-2001	32	647539	4686645	52.11	345199	225277	6	10
87	1.960-2001	186	149212	4640767	51.95	46045	23622	32	69
88	2.439-2001	41	868709	4703184	52.17	322115	186744	5	10
89	2.186-2002	48	868616	4676357	52.15	234902	124637	5	12
90	1.188-2002	37	713785	4709384	52.09	406118	152957	4	10
91	1.032-2002	47	868709	4699502	52.16	234902	144480	5	11
92	3.071-2002	49	868616	4697025	52.15	234902	138922	5	12
93	2.089-2002	41	943469	4702474	52.08	186231	119430	7	14
94	1.086-2002	49	868709	4698845	52.13	234902	138922	5	11
95	1.084-2002	34	713785	4701494	52.1	406118	171745	4	10
96	3.081-2002	37	713785	4703315	52.09	237047	153017	6	12
97	2.137-2002	37	713785	4745171	52.07	304025	170987	5	11
98	2.139-2002	34	713785	4708867	52.09	333239	190069	5	10
99	2.149-2002	33	713623	4704285	52.09	406118	187548	4	9
100	3.153-2002	38	713672	4704213	52.09	227729	126999	6	12
101	3.154-2002	34	1039164	4708204	52.09	304022	170987	4	10
102	3.155-2002	33	713785	4704528	52.09	406118	187518	4	9
103	2.225-2002	35	923738	4703556	52.09	318351	170987	5	10
104	2.227-2002	36	713632	4702517	52.09	227729	119435	5	11
105	3.250-2002	35	713785	4708265	52.09	227729	153020	5	11
106	3.251-2002	32	713785	4710597	52.1	406118	192896	4	9
107	1.363-2002	39	713641	4702823	52.07	221901	117924	7	14
108	3.334-2002	45	868709	4729331	52.14	248230	144481	4	11
109	2.383-2002	92	487747	4799521	52.11	194897	88282	9	17
110	1.296-2002	98	405283	4777483	52.19	148763	81401	11	21

111	2.284-2002	61	595037	4742154	52.22	190371	101825	8	15
112	3.073-2003	212	190364	4497729	52	62549	36260	22	46
113	3.143-2003	80	595170	4760432	52.21	187739	84233	8	17
114	2.050-2003	372	373476	9420718	53.58	59089	25684	35	95
115	2.383-2004	499	78121	4590117	51.7	15022	7954	88	189
116	2.158-2005	66	837608	4831516	52.2	224306	126142	5	12
117	2.169-2005	34	1081824	4709062	52.02	318267	166777	4	10
118	1.183-2005	62	837515	4827339	52.19	224306	157889	5	11
119	1.190-2005	28	1024588	4714779	52.03	477377	277637	4	7
120	3.263-2005	41	1091891	4707221	52.19	290113	163040	4	10
121	3.264-2005	49	1094970	4823176	52.18	290090	129949	4	11
122	1.188-2005	57	837515	4824257	52.18	190369	123249	6	13
123	1.256-2005	55	837515	4827989	52.19	257030	176380	5	11
124	3.266-2005	52	1095087	4825227	52.18	223814	129947	5	11
125	3.268-2005	51	603377	4806607	52.19	190336	108663	8	16
126	3.272-2005	56	837608	4826469	52.19	257029	176380	5	11
127	3.273-2005	56	718964	4826253	52.18	257043	176380	5	11
128	2.297-2005	61	772925	4819602	52.17	223785	129952	6	12
129	1.339-2005	66	395121	4788215	52.15	129328	75676	12	22
130	2.355-2005	69	837515	4822557	52.18	190401	123265	6	13
131	4.410-2005	59	772823	4811305	52.16	190389	103848	6	14
132	4.411-2005	73	492645	4800302	52.13	131792	87605	9	20
133	1.414-2005	360	76608	4718987	51.9	21993	12167	63	134
134	1.421-2005	51	655032	4656096	52.18	211296	126099	7	14
135	2.424-2005	74	762105	4829850	52.12	182667	88083	7	17
136	1.444-2005	70	905708	4831547	52.12	159661	112223	7	16
137	1.455-2005	75	836278	4828483	52.11	156970	81256	8	19
138	2.487-2005	129	552258	4798716	52.07	61054	36381	17	42
139	2.535-2005	144	277213	4795941	52.07	61020	33319	24	49
140	2.556-2005	117	351471	4807681	52.07	81255	47547	14	34
141	1.584-2005	104	432124	4805708	52.09	87193	45735	12	30
142	2.423-2005	122	435189	4798286	52.08	74288	39731	18	41
143	1.599-2005	89	402438	4626956	52.02	79896	50368	15	32
144	1.646-2005	156	207902	4578289	52.08	47952	27314	30	61
145	1.647-2005	191	154923	4784401	52.02	48994	25112	32	67
146	1.649-2005	196	120706	4569824	52.13	39615	20760	36	74
147	1.652-2005	87	271241	4605810	52.13	99309	45188	15	32
148	1.656-2005	146	208468	4793387	52.06	62876	36937	26	50

149	1.660-2005	70	435954	4630286	52.14	132851	71816	11	23
150	1.328-2005	143	155160	4601944	52.09	53758	28443	27	55
151	1.778-2005	189	131056	4589288	52.04	39208	23460	39	78
152	3.779-2005	185	122627	4623886	52.07	45019	24554	35	69
153	3.780-2005	118	225084	4544519	52.1	76703	30915	20	43
154	2.783-2005	96	773150	4811923	52.09	97257	55470	10	26
155	2.784-2005	98	480592	4797036	52.07	98273	44591	15	33
156	2.792-2005	112	324179	4806008	52.08	90381	50815	16	33
157	2.798-2005	128	224986	4598602	52.08	57379	30024	23	51
158	2.800-2005	136	231548	4546505	52.13	58937	28307	24	51
159	2.803-2005	174	132595	4593018	52.05	46166	23020	32	66
160	2.011-2006	69	391345	4671645	52.05	124566	63104	12	24
161	2.012-2006	61	457872	4654552	52.07	127945	71569	12	23
162	2.015-2006	52	840827	4668732	52.06	143317	82278	9	20
163	1.023-2006	43	459957	4659926	52.19	214017	126098	9	15
164	1.028-2006	147	237120	4841048	52.04	75245	39147	22	44
165	1.043-2006	159	276416	4826187	52.09	75609	37690	20	42
166	2.054-2006	152	308465	4764628	52.04	54273	29235	25	53
167	1.102-2006	197	172957	4762806	52	45584	23760	35	72
168	2.166-2006	72	402399	4705672	52.01	115157	57363	12	26
169	3.235-2006	82	511290	4809270	52.11	100183	61165	12	28
170	3.238-2006	391	111249	4515373	52.07	19267	10034	74	156
171	3.239-2006	144	314479	4729373	52.12	62830	30946	22	47
172	3.240-2006	123	336030	4788026	52.05	71682	37652	18	41
173	3.241-2006	157	220851	4807190	52.06	60236	31221	24	51
174	3.269-2006	60	927785	4830915	52.13	222245	120903	7	15
175	1.289-2006	319	89868	4738737	51.92	26358	15100	58	115
176	1.290-2006	114	189513	4553714	52.09	68177	39451	24	46
177	2.301-2006	110	297370	4669464	51.94	71814	35205	19	41
178	2.322-2006	156	351346	4818214	52.03	56946	27619	24	53
179	1.340-2006	94	289124	4615885	52.11	82998	50892	17	35
180	1.341-2006	95	335160	4606809	52.1	83204	40829	17	35
181	2.415-2006	313	97982	4856492	51.9	28305	16290	50	106
182	1.416-2006	247	155862	4597240	51.85	32842	16254	41	91
183	2.466-2006	289	120284	4611283	51.78	27546	15400	49	106
184	1.417-2006	127	289780	4686272	52.02	65039	36999	21	44
185	1.423-2006	172	232523	4779478	51.99	53319	24859	28	62
186	1.424-2006	85	446103	4782764	52.12	108793	60530	14	28

187	1.439-2006	129	232457	4761074	52.11	59034	34845	25	50
188	2.469-2006	129	186060	4659278	51.92	57337	31069	26	53
189	2.473-2006	251	264676	4733822	51.99	35295	17797	37	87
190	2.474-2006	230	113498	4615841	52.04	36184	18968	38	83
191	2.475-2006	322	86590	4688529	51.92	27044	13275	53	116
192	2.476-2006	493	91239	4690802	51.9	16036	8366	83	186
193	3.519-2006	35	798932	4713513	52.03	277637	171358	5	11
194	2.594-2006	116	286297	4868771	52.05	76546	41405	20	40
195	2.596-2006	160	235156	4752373	52.09	55461	27685	25	56
196	4.620-2006	174	171549	4733043	52.07	59093	26929	27	56
197	2.650-2006	49	406642	4793337	52.21	206225	90778	8	16
198	1.034-2007	306	88455	4602931	51.86	27845	13842	53	113
199	1.102-2007	128	289910	4843007	52.05	90485	41882	16	36
200	2.605-2007	63	766841	4688477	52.13	144500	81686	7	18
201	1.631-2007	90	316895	4665788	52.09	99168	47613	14	31
202	3.644-2007	60	797937	4692471	52.14	215806	93139	7	16
203	3.645-2007	60	868313	4686367	52.15	144480	93143	7	16
204	3.649-2007	58	868499	4681741	52.15	181401	93144	7	15
205	1.655-2007	164	173857	4622770	52.04	51626	25161	26	58
206	1.656-2007	54	766883	4680935	52.15	165581	101557	6	15
207	3.658-2007	112	363460	4653508	52.07	72450	42182	19	40
208	2.607-2007	57	766791	4678524	52.15	181494	82939	6	16
209	3.659-2007	63	648745	4687651	52.13	160172	94768	8	17
210	3.660-2007	69	622171	4832918	52.13	150104	103782	8	17
211	3.777-2007	55	868430	4689994	52.14	215822	117202	6	14
212	3.774-2007	69	766131	4691126	52.12	144480	81676	8	19
213	3.776-2007	95	637692	4660056	52.1	109210	40799	12	29
214	2.832-2007	95	386218	4865294	51.79	88434	53755	17	35
215	1.844-2007	376	90022	4693165	52.07	20196	11420	70	147
216	1.864-2007	80	632819	4654161	52.01	89001	56045	12	29
217	1.868-2007	64	380416	4688056	52.15	146023	76979	9	21
218	3.893-2007	239	184749	4783876	51.99	35395	20378	40	85
219	1.915-2007	150	235877	4595380	52.09	54487	32127	26	52
220	3.940-2007	122	239036	4626787	52.03	75178	33940	20	43
221	3.941-2007	56	868523	4690472	52.14	215822	114999	6	14
222	3.943-2007	51	657173	4649542	52.15	165621	117193	6	14
223	3.944-2007	47	868709	4690245	52.16	208070	144480	5	11
224	3.945-2007	119	268405	4725457	51.94	78846	36058	20	42

225	2.959-2007	80	436796	4887792	52.12	167560	103811	9	17
226	2.962-2007	98	277634	4678923	51.94	92922	40791	17	38
227	1.1006-2007	48	627709	4618988	52.07	179471	93887	7	16
228	1.1148-2007	93	419622	4676225	51.92	71743	41529	16	38
229	1.1194-2007	108	404912	4648100	52	76492	37274	19	40
230	1.1241-2007	153	257718	4757363	51.98	58838	32019	25	52
231	1.1268-2007	74	928968	4852008	52.07	133690	70897	8	21
232	1.1270-2007	144	292266	4763710	51.97	67119	40694	23	46
233	1.1271-2007	325	75136	4573046	51.91	25339	12518	58	122
234	1.1273-2007	121	337577	4753600	52.06	82054	39342	16	37
235	1.048-2007	111	292985	4775787	52.09	73918	46467	19	39
236	1.062-2007	137	190421	4771670	52.1	64620	36521	23	48
237	1.064-2007	77	301734	4637604	51.96	101178	53836	15	30
238	1.119-2007	179	250034	4771241	51.97	66782	37771	23	45
239	1.121-2007	114	400261	4739250	52.12	89833	43736	17	37
240	2.125-2007	146	281274	4622482	51.9	60338	26646	23	54
241	2.127-2007	204	172721	4721644	52.01	46183	22676	31	69
242	1.128-2007	146	235015	4760041	52.08	60382	28568	25	54
243	1.193-2007	32	1079278	4710260	52.03	372215	183584	4	9
244	1.194-2007	88	505439	4672635	51.95	89003	46379	14	32
245	1.195-2007	98	393902	4602815	52	74881	35633	17	38
246	1.196-2007	111	316976	4656804	52.09	81693	42168	19	40
247	1.197-2007	209	168019	4617863	52.01	37789	22306	38	78
248	1.198-2007	50	834335	4844165	52.2	338254	149142	5	10
249	1.199-2007	198	135269	4752719	52.02	45216	22802	35	73
250	1.201-2007	202	135347	4757599	52.05	46160	23083	35	72
251	1.260-2007	56	1095087	4822145	52.17	206443	104626	5	13
252	1.281-2007	114	289342	4669012	51.92	69676	40053	19	41
253	2.311-2007	124	289759	4749532	52.09	72023	35039	20	42
254	2.374-2007	155	244943	4630313	52.04	57884	26232	24	56
255	2.377-2007	274	82974	4670012	51.83	28034	15527	52	107
256	1.418-2007	233	133573	4742757	52.01	40629	19103	38	82
257	1.423-2007	208	146707	4683219	51.84	39807	22762	37	77
258	2.442-2007	223	113375	4634139	52.02	36711	20536	41	84
259	3.452-2007	124	238553	4641814	52.08	67019	34866	20	45
260	2.453-2007	166	177554	4743755	52.07	52328	25153	28	59
261	1.464-2007	126	310121	4614618	52.06	66301	32613	18	44
262	1.490-2007	122	228920	4708279	51.9	64121	30939	24	50

263	1.548-2007	151	216679	4638965	52.03	53688	26294	25	55
264	1.562-2007	145	185810	4619627	52.04	61279	27581	25	54
265	1.583-2007	34	749353	4755095	52.02	345200	202900	5	9
266	1.972-2008	52	1003062	4779766	52.17	190328	97903	6	15
267	1.985-2008	53	695782	4698396	52.05	203419	116298	6	13
268	1.1038-2008	233	284427	4911532	51.69	69148	28199	21	49
269	3.1067-2008	112	331008	4598663	52.03	76520	42011	16	35
270	1.1156-2008	71	627518	4805247	52.15	152630	69346	8	19
271	3.084-2008	44	370521	4706336	52.01	185986	119392	9	16
272	2.168-2008	283	147193	4708257	51.87	41011	19731	34	76
273	2.171-2008	64	606461	4669738	52.05	121167	69114	9	22
274	1.185-2008	115	236335	4860489	51.69	67015	35996	23	47
275	2.226-2008	61	563824	4692216	52.01	123866	69463	11	23
276	1.285-2008	42	623693	4834395	51.96	239775	150532	6	12
277	1.292-2008	319	189453	5264623	51.57	57416	29193	29	61
278	1.324-2008	71	534706	5096025	51.69	231155	103628	7	15
279	1.019-2008	33	1305004	4714236	52.02	406075	187683	3	8
280	1.020-2008	36	1081884	4712307	52.01	221808	152796	5	11
281	3.085-2008	60	622171	4832679	52.14	185213	103803	7	16
282	3.087-2008	184	140291	4530610	52.06	41477	21559	37	76
283	3.124-2008	102	391319	4631685	51.98	77099	38910	15	36
284	2.167-2008	377	135724	4542117	51.8	19678	11005	65	142
285	1.200-2008	61	773155	4934884	51.9	176386	103855	9	18
286	1.212-2008	99	449149	4524284	52.03	71720	37912	19	39
287	1.231-2008	391	76591	4850959	51.9	22494	12047	68	141
288	1.245-2008	92	204033	4670486	52.13	91829	56740	18	34
289	1.362-2008	47	545566	4758580	52.01	187698	119437	8	16
290	1.357-2008	53	683555	4901814	51.82	178227	93846	9	18
291	1.398-2008	41	916829	4740352	52.03	269829	120713	5	12
292	1.399-2008	36	1079503	4681464	52.1	227578	170961	5	11
293	1.404-2008	35	961377	4705322	52.03	221834	152797	5	12
294	1.413-2008	189	216067	4856248	51.97	66848	32701	23	50
295	1.426-2008	190	314748	4995989	51.92	49263	26268	28	62
296	1.436-2008	60	574933	4667641	52.06	133633	77112	9	20
297	1.485-2008	37	916946	4788855	52.01	303652	130457	5	11
298	1.488-2008	243	162356	4765202	51.8	39239	19516	36	81
299	2.513-2008	76	599972	4881233	52.17	245339	101745	6	14
300	1.534-2008	222	213231	5135991	51.62	71280	39852	21	44

301	1.596-2008	191	149861	4552660	51.98	38803	23565	36	73
302	2.620-2008	91	281282	4650578	52.02	92991	53117	17	34
303	1.647-2008	68	622057	4863234	52.17	187995	108158	7	16
304	2.655-2008	241	204387	5209713	51.52	51609	24654	31	67
305	2.656-2008	100	296821	4823691	52.12	100252	51348	16	33
306	1.692-2008	229	157915	4884829	51.94	46441	22751	33	72
307	2.693-2008	340	106202	4600739	51.55	36396	19014	43	84
308	1.699-2008	252	136812	4542661	51.7	45017	21970	32	67
309	2.737-2008	64	622212	4853257	52.15	187027	81275	7	17
310	2.742-2008	52	683451	4671369	52.08	179437	89001	7	17
311	2.778-2008	99	595242	4715334	51.97	71233	42918	15	36
312	1.784-2008	63	837864	4821407	52.18	223243	129935	6	12
313	1.799-2008	105	328895	4662678	52	94102	42012	14	34
314	1.813-2008	173	199080	4800961	52.08	70520	30870	22	45
315	2.843-2008	185	325000	4857674	51.94	68806	32950	21	47
316	3.887-2008	193	196081	4735031	52.03	45876	22056	32	69
317	3.888-2008	337	110001	4684174	52.02	24090	12853	54	120
318	3.051-2009	66	838929	4801250	52.13	126821	75723	9	21
319	3.052-2009	70	402514	4656239	52.04	118951	56113	12	26
320	3.053-2009	114	362374	4781557	52.1	84424	42200	15	35
321	2.054-2009	62	681839	4750683	52.15	190358	87565	7	16
322	1.058-2009	272	311656	4927450	51.59	72134	30340	23	51
323	1.073-2009	71	815987	4916522	51.93	224707	83801	7	17
324	1.131-2009	49	676596	4806729	52.08	206192	118899	8	15
325	2.163-2009	64	683452	4806435	52.03	190289	89003	8	17
326	3.165-2009	63	487548	4693254	52.1	118003	81992	12	23
327	1.174-2009	61	718814	4806147	52.15	186779	103796	7	16
328	1.193-2009	49	706024	4805866	52.16	223777	114365	5	12
329	2.194-2009	44	925270	4813397	52.16	222243	112228	6	14
330	1.205-2009	169	296093	4768553	51.91	83985	43588	17	37
331	1.263-2009	221	371715	5040452	51.66	73691	40371	20	44
332	2.290-2009	84	625715	4918953	51.93	180036	93165	9	18
333	1.318-2009	65	498849	4703370	51.96	152828	66978	8	21
334	1.322-2009	50	647431	4631923	52.09	152797	89001	8	18
335	1.327-2009	84	495727	4900045	51.91	180024	81052	10	19
336	3.334-2009	105	302155	4723272	51.95	71930	52292	19	37
337	1.344-2009	52	616561	4747304	52.01	149165	104959	10	19
338	1.346-2009	61	553500	4724968	51.99	122340	80442	11	22

339	2.445-2009	253	243848	4927812	51.62	46307	28185	30	63
340	3.454-2009	67	493965	4699720	51.96	96210	63485	12	27
341	1.474-1999	341	233553	4660971	51.67	36582	20326	38	81
342	3.511-2009	44	917888	4698962	51.86	202704	103614	7	16
343	3.512-2009	54	573512	4655197	52.14	160172	83541	8	18
344	3.513-2009	43	678148	4828112	51.99	181345	103625	7	16
345	3.514-2009	96	287597	4734239	51.98	80442	51227	20	38
346	3.515-2009	230	207032	4808977	51.7	58587	31775	26	53
347	3.516-2009	72	286692	4637574	52.16	101437	61379	14	28
348	3.517-2009	111	246924	4755851	51.99	74447	51095	19	38
349	3.544-2009	154	358021	4624514	52.01	109060	45913	14	29
350	3.545-2009	43	485819	4819292	51.96	215831	120556	8	15
351	3.546-2009	66	1044582	4929149	52.09	183851	92070	7	15
352	3.547-2009	117	447302	4909367	51.67	118156	74491	13	26
353	1.551-2009	57	431253	4842159	51.84	160577	84308	10	20
354	3.573-2009	89	462307	4860983	52.06	89544	55834	14	32
355	3.574-2009	112	245261	4658429	52.09	89576	40462	17	37
356	3.575-2009	66	507443	4785096	51.99	157682	89216	10	20
357	1.614-2009	154	305021	5002684	51.75	116771	62796	15	30
358	1.635-2009	74	361231	4668182	52.14	93961	56837	14	30
359	1.686-2009	224	383669	4873614	51.85	66272	29536	21	48
360	1.696-2009	64	543569	4657710	52.15	168099	102237	8	17
361	1.719-2009	42	966450	4706850	52	184348	118009	6	15
362	1.780-2009	51	563089	4706992	51.99	152797	89001	9	18
363	1.155-2010	158	249497	4892171	52	54351	28354	27	55
364	1.016-2010	102	512749	4808154	52.12	105750	49628	12	29
365	1.033-2010	118	448687	4886354	52.02	73163	41405	17	38
366	1.047-2010	93	341411	4836061	52.1	103741	54367	15	31
367	1.049-2010	63	868220	4688366	52.15	144500	84279	7	17
368	1.109-2010	77	546130	4859104	52.16	139051	82043	10	20
369	1.138-2010	59	432874	4805056	52.14	187956	89646	8	17
370	1.151-2010	76	826890	4820904	52.1	150013	79220	9	20
371	1.152-2010	63	489022	4618833	52.08	105367	69152	13	26
372	1.159-2010	68	350740	4679069	52.03	119392	68674	13	25
373	1.167-2010	56	489806	4694440	52.05	131280	74689	10	22
374	1.170-2010	79	928854	4901349	52.06	102101	60190	10	26
375	1.174-2010	62	657759	4870321	52.11	193995	72262	6	18
376	1.175-2010	64	651792	4915910	52.06	153665	75496	9	19

377	1.176-2010	71	490242	4901680	52.05	152067	70897	10	22
378	3.194-2010	94	535739	4904403	52.05	105847	59848	12	27
379	3.195-2010	116	284850	4661560	51.97	65469	33724	21	46
380	1.199-2010	83	928891	4918810	52.06	123961	69187	8	22
381	2.204-2010	74	535702	4918861	52.07	152106	71983	9	21
382	2.205-2010	63	527606	4821776	51.99	183360	120518	8	15
383	2.212-2010	69	535731	4920793	52.06	146702	71415	9	22
384	2.214-2010	71	635790	4842177	52.06	152106	75425	8	19
385	2.225-2010	83	535684	4877708	52.07	115506	67331	10	25
386	1.231-2010	158	237623	4875201	51.98	55832	30076	26	56
387	1.232-2010	88	415905	4905749	52.05	115573	60804	13	28
388	1.243-2010	151	341197	4888221	51.99	57032	32406	24	52
389	1.253-2010	34	1142329	4676369	52.1	318160	162488	4	10
390	1.259-2010	32	1081783	4721551	52.02	343677	170961	4	9
391	1.265-2010	34	1084277	4727597	52.01	318204	171169	4	10
392	1.294-2010	76	793208	4926642	52.08	152106	71983	9	21
393	3.296-2010	96	402975	4908651	52.09	98272	54185	13	30
394	1.298-2010	117	277197	4824170	52.08	68172	44781	17	39
395	1.324-2010	42	943455	4700061	52.07	230002	119435	5	11
396	1.355-2010	73	526108	4908896	52.1	183794	81890	9	19
397	1.359-2010	56	1071583	4838634	52.15	203762	105847	5	12
398	1.367-2010	63	779325	4875964	52.15	159227	90456	8	17
399	1.372-2010	40	392248	4557443	52.09	222501	138063	9	16
400	1.391-2010	75	771892	4915425	52.11	152872	86222	9	19
401	3.395-2010	90	928909	4912212	52.05	102594	61420	10	26
402	3.397-2010	66	1029135	4853733	52.06	183794	81915	7	16
403	3.398-2010	67	1029042	4926805	52.09	183794	80348	7	17
404	3.400-2010	62	678223	4867540	52.12	193995	117850	7	14
405	3.401-2010	64	1071629	4925726	52.09	193995	81910	6	16
406	3.403-2010	70	960029	4925364	52.09	180226	75460	8	18
407	3.405-2010	71	951058	4928373	52.09	180123	75665	8	18
408	1.423-2010	51	1066695	4639274	52.29	187926	123223	6	13
409	1.437-2010	70	514826	4815196	52.1	162472	80530	9	20
410	1.438-2010	56	1075551	4816935	52.09	253254	128749	5	12
411	1.439-2010	69	1029187	4851020	52.1	174849	71979	7	18
412	1.441-2010	84	526052	4947992	52.07	152067	71978	10	23
413	1.442-2010	62	907797	4844913	52.15	203593	105846	6	14
414	2.445-2010	139	433839	5060187	51.88	89588	56347	14	32

415	2.449-2010	120	462289	4877280	52.05	73240	44265	17	38
416	1.460-2010	142	276568	4985934	51.94	71983	40801	21	43
417	1.461-2010	191	277787	5001160	51.64	71019	33383	20	45
418	1.473-2010	87	526304	4928935	52.08	123201	67647	10	23
419	1.480-2010	76	915409	4926552	52.09	183794	75625	7	18
420	1.528-2010	82	535735	4918039	52.06	133678	69200	10	23
421	1.530-2010	84	861155	4915555	52.06	123196	68715	9	23
422	1.532-2010	104	489372	4906188	52.04	90152	54604	13	31
423	1.535-2010	107	384509	4903984	52.04	86009	48990	17	36
424	1.536-2010	77	950897	4923778	52.08	142419	73218	8	20
425	1.546-2010	267	278865	5127665	51.7	59075	28946	27	59
426	3.547-2010	257	227403	5000294	51.69	57045	26543	22	54
427	1.548-2010	65	380961	4656284	51.96	145540	92364	10	20
428	1.550-2010	108	490060	4978373	52.09	123215	66848	11	26
429	1.551-2010	432	131409	4817555	51.77	33366	14391	46	101
430	1.556-2010	87	575295	4871019	52.08	102562	56544	13	29
431	1.557-2010	157	153604	4792717	52.1	49210	28102	31	64
432	3.561-2010	61	1071583	4864559	52.15	183850	81905	7	16
433	3.562-2010	67	950800	4917325	52.09	180081	71979	7	18
434	3.563-2010	53	389201	4746861	52.01	159768	121827	10	18
435	3.564-2010	54	868616	4659657	52.13	234902	124627	5	12
436	3.565-2010	54	868430	4688137	52.14	234902	112037	5	13
437	3.566-2010	73	403454	4864272	51.97	118323	70654	11	24
438	3.567-2010	88	490053	4826544	52.07	102129	69056	12	27
439	3.568-2010	84	471557	4917234	52.06	117575	60894	11	25
440	1.569-2010	44	349748	4370044	52	207741	135238	9	15
441	1.571-2010	65	950986	4856613	52.13	203762	89544	6	15
442	1.572-2010	74	950797	4918346	52.09	164834	73236	8	20
443	1.576-2010	49	564846	4759016	51.99	217328	114962	7	15
444	1.580-2010	74	928911	4847735	52.07	144061	70897	8	20
445	1.581-2010	473	88065	5014890	51.81	26550	12163	58	128
446	1.582-2010	136	254736	4827600	52.06	61510	33599	22	47
447	3.590-2010	76	950797	4857695	52.12	152106	74630	8	19
448	3.591-2010	71	950889	4864657	52.09	183851	75559	7	17
449	1.595-2010	35	1309851	4714609	52.08	305156	170944	3	9
450	1.599-2010	84	388760	4660970	52.04	96204	57506	14	29
451	1.606-2010	220	235635	4788692	51.73	69239	31216	22	49
452	1.620-2010	147	462254	5006748	52.02	69187	39949	20	42

453	1.621-2010	82	883130	4923679	52	117806	66974	10	25
454	1.622-2010	456	191999	5038343	51.64	25959	14235	54	120
455	1.631-2010	37	968885	4716840	52	221778	119433	5	12
456	2.646-2010	33	1084450	4686391	52.09	318289	170962	4	10
457	2.649-2010	45	968890	4683319	52.07	221776	93915	4	13
458	2.666-2010	124	462191	4886869	52.01	75492	42001	18	39
459	2.670-2010	93	249930	4580160	52.11	85876	55371	18	34
460	1.678-2010	71	950833	4863133	52.12	183795	82658	7	17
461	1.001-2011	39	968956	4749031	52	227575	152797	5	11
462	1.023-2011	65	563054	4667453	52.06	119420	72337	11	23
463	1.024-2011	119	599599	4868416	52.04	106421	54182	11	26
464	1.025-2011	93	837313	4815613	52.09	98205	55041	10	26
465	1.045-2011	87	588287	4918923	52.06	100067	67560	12	27
466	2.094-2011	476	117355	5067316	51.73	26614	11360	51	123
467	1.176-2011	236	129265	4958979	51.8	40983	22442	39	81
468	1.183-2011	128	496216	4846347	52.03	71011	37093	18	40
469	1.197-2011	242	147231	4977205	51.84	52983	26034	30	64
470	1.201-2011	97	535647	4916795	52.04	105320	58089	11	27
471	1.211-2011	65	1071350	4909484	52.06	174869	89540	7	16
472	1.212-2011	36	1046223	4606945	52.14	249209	155086	5	10
473	1.213-2011	68	400191	4575607	51.97	134947	89342	10	21
474	1.214-2011	89	526239	4929274	51.94	123207	63313	10	24
475	1.215-2011	133	248049	4896299	52.01	69244	34764	21	46
476	1.217-2011	274	171861	5020934	51.79	45071	25118	33	71
477	1.262-2011	69	578740	4935104	52.09	193995	89540	8	17
478	1.274-2011	199	233309	4812179	51.83	68144	35269	22	46
479	1.276-2011	70	1011656	4991464	52.01	153227	81882	7	18
480	1.289-2011	69	605812	4919548	52.07	177376	71642	8	19
481	1.298-2011	97	448589	4915610	52.05	133693	60220	10	24
482	1.309-2011	100	436209	4911860	52.04	115175	56445	12	28
483	1.317-2011	94	915261	5000631	51.88	102067	58101	10	26
484	1.318-2011	81	928831	4911278	52.05	105847	71642	9	23
485	1.319-2011	87	535699	4932214	51.95	130275	75464	9	21
486	1.327-2011	89	485200	4939617	52.06	143935	69876	10	23
487	1.335-2011	116	526254	4947529	52.02	77732	47217	17	37
488	1.337-2011	134	325395	5012672	51.85	86440	44983	17	37
489	1.341-2011	139	269987	4965676	51.91	71964	39949	19	41
490	1.385-2011	177	139839	4881764	51.99	48886	27804	35	68

491	1.386-2011	106	532540	4794680	51.79	119449	74467	12	24
492	1.392-2011	99	496170	4903209	52.05	105847	53780	14	31
493	1.393-2011	72	976850	4913049	52.06	153180	74607	7	19
494	1.417-2011	153	274169	5034167	51.87	73862	48834	20	40
495	1.421-2011	119	490053	4912674	52.02	102053	56464	14	31
496	1.423-2011	142	227002	4937013	52.04	73168	43358	22	44
497	1.424-2011	55	683452	4670406	52.07	170962	96207	7	16
498	1.437-2011	93	379340	4904691	52.07	89544	56771	15	31
499	1.447-2011	175	468441	4969714	51.95	77397	45547	19	40
500	2.509-2011	183	201115	4922120	51.97	54584	28566	28	60
501	1.536-2011	98	869201	5045141	51.97	105847	59559	11	29
502	1.577-2011	294	172792	5001993	51.81	46429	23187	33	71
503	1.578-2011	95	800598	4961376	52.01	130518	72799	10	23
504	1.580-2011	74	721017	4912951	52.11	175202	90381	8	17
505	1.598-2011	100	476429	4918951	52.06	111769	57099	11	27
506	6.069-2011	93	928812	4989880	52.03	115060	56125	11	28
507	1.002-2011	57	783494	4973271	51.85	237361	93927	6	15
508	1.009-2011	82	525968	4925472	52.06	174863	69924	9	21
509	1.364-2012	34	1079255	4712874	52.02	318261	170729	4	10
510	1.388-2012	76	312415	4678497	51.98	107663	53279	14	30
511	1.410-2012	139	216383	4913823	52.03	74189	36358	21	46
512	1.425-2012	72	600048	4890096	52.11	172213	82008	8	20
513	1.448-2012	43	966350	4600595	51.98	178138	116361	7	15
514	1.465-2012	66	1029060	4909553	52.09	183794	75548	7	17
515	3.475-2012	85	835134	4927700	52.09	140056	71983	10	23
516	1.516-2012	268	134340	4846092	52.04	33352	18240	44	96
517	1.540-2012	153	146705	4899493	52.03	54413	29517	31	62
518	1.552-2012	76	961463	4925962	52.08	153139	80474	8	19
519	1.555-2012	81	378711	4900263	52.08	94875	60185	13	30
520	1.574-2012	76	765856	4865557	52.07	123185	71351	10	23
521	1.576-2012	109	209774	4639399	52.01	69431	36791	21	44
522	1.577-2012	95	329294	4779402	52.11	81549	47518	16	35
523	2.579-2012	68	532654	4636465	52	118318	66148	11	25
524	2.580-2012	59	402514	4662388	51.99	143314	82326	10	20
525	2.582-2012	55	961245	4654939	52.02	166632	77208	7	18
526	2.583-2012	58	324053	4593432	52.01	128364	77120	12	23
527	2.584-2012	153	153661	4658539	51.99	51293	29153	32	60
528	2.587-2012	55	305091	4621097	52.05	143072	89015	13	23

529	2.589-2012	40	749207	4707506	52.01	221781	118008	6	13
530	2.590-2012	81	195756	4689476	52	88989	56472	18	34
531	1.598-2012	59	563661	4699762	51.97	152796	82320	9	19
532	1.613-2012	89	535749	4941337	52.06	105847	62565	13	28
533	1.614-2012	58	647353	4679503	52.07	160103	80583	9	20
534	1.615-2012	35	1307553	4691903	52.09	406075	152797	3	9
535	3.634-2012	68	1029060	4955794	52.1	193995	81878	6	16
536	1.648-2012	77	537555	4938930	52.07	131312	59387	10	25
537	1.674-2012	56	342461	4680935	52.07	134793	79925	12	25
538	1.687-2012	71	928920	4920377	52.07	146730	75545	8	19
539	1.688-2012	55	713592	4697383	52.04	161122	94688	9	18
540	1.696-2012	153	412842	4935569	51.98	66839	45393	23	46
541	1.698-2012	67	679866	4856548	52.11	151835	71474	9	20
542	1.699-2012	62	526058	4889415	52.11	150614	75543	9	21
543	1.725-2012	86	287963	4928770	52.1	92054	63558	17	33
544	1.726-2012	93	401542	4839478	52.13	98232	60625	14	30
545	1.728-2012	64	538832	4845047	52.14	149482	76971	9	20
546	1.743-2012	87	854985	4946657	52.06	123202	69187	10	24
547	1.750-2012	104	489199	4941015	52.05	102098	56971	14	31
548	1.751-2012	133	319236	4885636	52.09	68934	32960	21	47
549	1.780-2012	97	319234	4924252	52.03	115149	51622	14	31
550	1.782-2012	283	244253	5157521	51.85	56785	33579	26	55
551	1.783-2012	75	930533	4872212	52.12	150099	86730	8	18
552	1.787-2012	107	229684	4927059	52.08	73217	48893	20	40
553	1.790-2012	117	267104	4611811	52.06	61538	34486	23	47
554	1.794-2012	60	574913	4705509	51.97	143317	71811	9	20
555	1.798-2012	61	966306	4754126	51.83	139409	77048	9	20
556	1.002-2012	122	289810	4664490	51.94	69171	33523	20	43
557	2.012-2012	49	647300	4713617	52.06	172046	98310	7	16
558	1.031-2012	227	158026	4848331	51.9	40670	21363	35	78
559	1.032-2012	200	270019	4936340	51.89	49624	24385	29	66
560	1.063-2012	66	966352	4647432	52.05	124574	65201	9	22
561	1.064-2012	86	526796	4684546	51.94	85492	46379	14	32
562	1.103-2012	84	277924	4727676	52.13	111545	61642	13	27
563	1.124-2012	292	277643	4936482	51.78	56748	25846	25	59
564	1.130-2012	54	563771	4669195	52.07	178861	89001	8	17
565	2.171-2012	43	966291	4682404	52.08	185995	118946	6	14
566	2.174-2012	82	399931	4626888	52.04	118105	57415	13	26

567	2.179-2012	46	919860	4665073	52.01	172103	102399	7	16
568	2.180-2012	108	388744	4677054	51.93	71013	40633	19	40
569	2.181-2012	76	472234	4690400	51.95	133623	61463	11	25
570	1.211-2012	52	563766	4707611	51.99	166777	96111	8	17
571	1.253-2012	67	678272	4923217	52.09	183794	75535	8	18
572	1.254-2012	89	841960	4827720	52.11	126741	61144	9	24
573	4.294-2012	143	392601	4865177	52.01	69572	34257	20	45
574	4.295-2012	113	489381	4833130	52.04	71978	43495	17	38
575	1.296-2012	130	263901	4786553	52.06	77828	40576	18	40
576	1.298-2012	80	391334	4655884	52.02	96183	61490	13	29
577	1.327-2012	112	388801	4744976	51.75	80119	40704	17	37
578	2.331-2012	65	771474	4664507	52.05	107637	69136	11	24
579	1.335-2012	45	966413	4732945	52.05	221794	118967	5	12
580	1.337-2012	46	563842	4717397	52.06	178931	118681	8	16
581	1.342-2012	149	204088	4667146	51.97	52756	26899	26	57
582	1.344-2012	124	290154	4681288	51.98	69626	30987	21	46
583	1.348-2012	464	97857	4589310	51.97	15679	8557	84	184
584	1.350-2012	202	125144	4700581	51.98	45952	24018	33	70
585	1.352-2012	223	112736	4645720	51.93	32519	20724	42	86
586	1.353-2012	434	61032	4569257	51.82	15857	9767	83	172
587	1.355-2012	126	277697	4645539	51.98	63191	31984	20	45
588	1.357-2012	84	388767	4658024	52.02	100453	57373	14	28
589	1.359-2012	146	257522	4631636	51.97	56931	26561	22	52
590	2.358-2013	51	647394	4669755	52.06	178954	94681	7	16
591	1.365-2013	99	814825	4921746	52.04	76791	44354	16	35
592	1.367-2013	72	929099	4888621	52.12	143618	75478	8	19
593	1.370-2013	235	216260	5059316	51.84	76026	36117	20	44
594	1.375-2013	66	1071394	4960538	52.12	193995	89545	7	16
595	1.376-2013	82	290333	4716562	52	93917	49101	16	33
596	1.378-2013	100	404935	4646263	51.98	71233	41893	18	38
597	1.380-2013	80	928936	4978418	52.11	177393	91956	7	17
598	2.390-2013	45	966327	4674345	52.07	185995	94687	6	15
599	2.393-2013	43	646959	4716728	52.04	185984	117978	7	15
600	1.394-2013	71	632519	4964016	52.1	207971	89540	7	16
601	1.407-2013	109	443339	4891542	52.08	72155	42102	21	41
602	2.429-2013	145	319090	4900320	52.07	55770	31638	25	54
603	1.431-2013	152	280417	4903086	52.02	63932	32469	23	49
604	1.432-2013	193	246843	4884441	52.04	54620	27745	29	63

605	4.442-2013	75	542983	4888272	52.1	145913	73985	9	21
606	4.443-2013	86	325540	4857484	52.15	120830	73090	13	26
607	2.444-2013	65	546130	4903581	52.12	186970	125104	8	16
608	1.456-2013	63	635938	4952306	52.1	183857	81888	8	17
609	1.463-2013	31	804123	4706551	52.08	318369	186013	5	10
610	1.470-2013	75	1044582	4951736	52.09	183793	71979	7	19
611	1.515-2013	67	509655	4647326	52.06	139380	69171	10	22
612	1.518-2013	92	329332	4671660	52.11	76968	51035	17	36
613	1.526-2013	77	535737	4899922	52.07	143618	71666	9	22
614	1.537-2013	39	968896	4682923	52.07	298101	121182	4	11
615	1.577-2013	32	1307402	4680056	52.1	406075	170944	3	9
616	1.592-2013	73	423733	4929377	52.1	129468	74329	12	24
617	1.594-2013	62	600140	4953754	52.11	222251	102260	6	15
618	1.603-2013	65	381756	4698170	51.85	143009	65080	11	24
619	1.604-2013	63	439621	4685120	51.84	172095	82304	10	20
620	1.607-2013	52	600141	4822732	52.09	222250	129792	6	14
621	3.002-2013	150	415680	4913678	52.01	59611	31177	24	55
622	1.007-2013	91	861098	4937655	52.06	118779	55921	11	26
623	1.008-2013	111	301003	4902746	52.09	75456	45641	17	38
624	1.016-2013	81	960000	4905094	52.09	180131	75475	8	19
625	1.023-2013	83	454535	4941478	52.08	128756	58217	12	27
626	1.036-2013	104	490064	4946543	52.06	99800	59570	13	29
627	1.044-2013	118	204106	4832065	52.1	70349	39400	24	46
628	1.046-2013	115	462226	4932430	52.04	89602	43464	15	36
629	1.114-2013	50	630359	4741778	52.07	170961	105998	8	17
630	1.116-2013	72	1029351	4965088	52.02	180203	75453	7	17
631	1.117-2013	250	258683	4962045	51.84	81202	36054	19	41
632	1.118-2013	36	877226	4675830	52	219664	119433	5	13
633	1.122-2013	382	128217	5075855	51.63	39422	17109	40	87
634	1.123-2013	110	232022	4691935	52.02	69139	41465	20	41
635	1.124-2013	150	325742	5049536	52.04	102110	42958	17	37
636	1.125-2013	49	713572	4700573	52.08	170987	97235	7	16
637	1.127-2013	48	566177	4706251	52.01	185934	101020	8	16
638	1.129-2013	84	480965	4909755	52.12	156970	103784	10	19
639	1.130-2013	65	465355	4752488	51.97	146924	80598	10	21
640	1.134-2013	96	250889	4664848	52.03	82238	43131	19	37
641	1.139-2013	81	517800	4659330	52.02	94556	60362	13	29
642	1.142-2013	65	331652	4616195	52.08	121114	71287	14	27

643	1.143-2013	40	713846	4707730	52.08	209748	119386	6	13
644	1.145-2013	44	776015	4702259	52.01	183331	96167	8	17
645	1.147-2013	63	457369	4742593	52.07	185944	83735	9	20
646	1.150-2013	137	220974	4810801	52.07	59253	30922	25	52
647	1.182-2013	63	539422	4761624	52	154433	88270	10	20
648	1.184-2013	79	535622	4944891	52.07	133713	70897	10	22
649	1.191-2013	109	247296	4917880	52.05	75566	43650	20	42
650	1.210-2013	217	317422	5032509	51.95	56439	30192	29	61
651	2.248-2013	81	535768	4946948	52.07	133753	69250	10	23
652	1.259-2013	108	315614	4939844	52.07	82759	47055	17	36
653	1.275-2013	183	147507	4794553	51.81	49720	25422	29	63
654	1.306-2013	86	861242	4949862	52.09	117824	69187	10	24
655	1.309-2013	110	415939	4933493	52.05	75584	45641	18	39
656	1.311-2013	102	478060	4942043	52.09	98209	50910	14	31
657	1.338-2013	81	535698	4950544	52.08	133696	70897	9	22
658	1.341-2013	82	602819	4764076	52.13	114322	62054	10	24
659	2.355-2013	107	245877	4635549	52	76438	33755	19	43
660	2.357-2013	193	124269	4659841	51.91	42767	22022	38	78
661	1.029-2014	71	842882	4622597	52.11	151838	90381	8	17
662	1.036-2014	37	877247	4710257	52	306181	125172	5	11
663	1.037-2014	75	329741	4929656	52.09	138218	71979	12	25
664	1.048-2014	34	1079159	4683475	52.1	318296	190119	4	9
665	1.073-2014	73	319898	4840318	52.12	130207	69249	12	26
666	1.079-2014	76	590499	4938795	52.07	143834	68429	9	22
667	1.163-2014	83	546936	4923086	52.08	146669	69187	10	24
668	1.182-2014	146	216359	4922823	52.02	59737	32597	24	51
669	1.194-2014	140	239418	4995640	52.05	102080	52983	16	34
670	2.196-2014	67	528391	4700523	51.96	126290	66218	10	23
671	1.269-2014	99	316368	4935463	52.06	105847	56272	15	33
672	1.271-2014	56	349838	4669064	52.09	142139	89003	12	22
673	1.285-2014	67	1029246	4950125	52.09	177385	73208	7	18
674	1.330-2014	165	226982	4961452	52	55715	29210	28	58
675	1.343-2014	110	222638	4920780	52.03	75514	43981	19	39
676	1.350-2014	89	535745	4822617	52.09	105448	66876	12	26
677	1.475-2014	115	297935	4904977	52.02	75466	47400	19	38
678	1.476-2014	88	630628	4942190	52.06	117795	59923	11	26
679	1.477-2014	32	677027	4613984	52.1	227294	130044	6	12
680	1.489-2014	36	647500	4676428	52.1	221727	152796	6	13

681	1.490-2014	33	963922	4675714	52.1	227578	166774	5	11
682	1.565-2014	107	327658	4928482	52.06	77637	44660	17	38
683	2.578-2014	64	630263	4719940	51.96	143107	62590	8	21
684	1.595-2014	168	327663	4908033	52.01	55411	28134	29	61
685	1.605-2014	107	535693	4936697	52.05	86954	56916	15	33
686	1.615-2014	94	855066	4932200	52.05	89544	53812	14	32
687	1.628-2014	75	535753	4940956	52.08	123187	72453	10	23
688	1.635-2014	94	260925	4915939	52.07	93174	48872	16	34
689	1.644-2014	126	203761	4886589	52.09	71978	37040	22	45
690	1.649-2014	62	482771	4572509	52.12	126106	60232	11	24
691	1.668-2014	91	522064	4940918	52.06	105847	59594	13	30
692	1.670-2014	78	402519	4713161	52.02	108070	57397	13	29
693	1.671-2014	105	861116	4921980	52.07	92070	53864	13	32
694	1.674-2014	74	526239	4942789	52.07	152106	73234	9	21
695	1.686-2014	69	1071676	4889242	52.12	193995	75555	6	16
696	1.688-2014	69	1028897	4940435	52.1	170697	71351	7	19
697	1.693-2014	58	356287	4676805	52.07	162598	76993	10	21
698	1.695-2014	90	308812	4894383	52.08	94303	56719	17	33
699	1.799-2014	82	525950	4935864	52.07	105847	59407	12	28
700	1.813-2014	147	310930	4846806	52.09	62959	32591	21	47
701	1.991-2014	82	368474	4680691	52.12	105178	71801	14	28
702	1.154-2015	173	414430	4911103	52	49226	27792	27	60
703	1.157-2015	137	535582	4927346	52.02	69862	37648	18	41
704	1.165-2015	126	492187	4905129	52.02	81253	41138	17	38
705	1.166-2015	128	290811	4799288	52.07	68312	37603	20	44
706	1.167-2015	108	262682	4689411	51.88	62666	41603	21	44
707	1.173-2015	194	272002	4899482	51.97	48551	27792	31	65
708	1.175-2015	70	825179	4812108	52.11	190275	94501	6	15
709	1.176-2015	141	231901	4667935	52.01	60708	28508	22	50
710	1.177-2015	185	216885	4943074	51.83	55916	28309	28	60
711	1.181-2015	151	343183	4926196	52.02	64006	34688	23	48
712	1.215-2015	130	235809	4717434	51.9	61412	28693	23	52
713	1.331-2015	103	175834	4661413	52.09	77107	43273	21	41
714	1.333-2015	135	233458	4662236	51.97	57637	27408	23	51
715	1.335-2015	283	122033	4808826	51.92	30782	17837	45	96
716	1.336-2015	65	1044679	4918377	52.13	193995	89544	6	15
717	1.338-2015	144	280269	4884482	52.01	56229	32144	21	49
718	1.339-2015	179	208006	4850845	51.96	56831	25667	26	55

719	6.383-2015	81	636939	4655460	52.05	107530	53814	12	28
720	2.402-2015	119	318747	4843521	52.09	69791	44313	21	42
721	2.406-2015	140	227764	4895396	52.01	59578	32962	25	52
722	2.440-2015	133	214318	4642562	51.97	56944	29516	23	52
723	2.442-2015	173	254935	4573708	51.96	41430	23660	31	68
724	1.453-2015	79	574905	4667153	52.04	108464	66188	13	27
725	1.454-2015	121	462303	4924392	52.03	72037	48898	19	40
726	1.455-2015	182	424158	4882496	51.99	59121	25610	22	52
727	1.457-2015	129	319253	4916203	52.04	68678	37482	21	44
728	1.458-2015	105	598513	4798898	51.97	71766	39811	18	39
729	1.472-2015	107	297413	4658357	52	71811	42780	17	37
730	1.476-2015	222	184316	4872745	52	41409	21810	37	80
731	1.486-2015	246	142684	4884518	51.95	36926	21456	36	82
732	1.524-2015	62	927601	4838692	52.15	272397	129277	6	13
733	1.525-2015	133	333264	4708390	51.97	104008	53799	13	29
734	1.530-2015	188	153809	4953362	51.94	54291	30969	29	57
735	1.533-2015	120	483894	4683485	51.92	78592	38974	16	37
736	1.626-2015	199	194879	4663203	51.98	45622	23690	32	69
737	1.627-2015	82	589780	4976649	52.1	183794	89545	8	18
738	1.027-2016	308	95713	4706795	51.95	247220	142000	55	117
739	1.086-2016	311	109886	4606517	51.99	26996	12624	50	112
740	1.002-2015	60	630215	4707636	52.05	143685	84032	8	19
741	1.009-2015	49	968875	4593117	52.02	143397	94865	6	16
742	1.013-2015	76	362043	4813127	51.97	98909	63949	16	30
743	1.026-2015	94	415927	4817505	52.11	99871	53770	13	29
744	1.029-2015	84	327744	4674329	52.04	82250	52061	16	33
745	1.030-2015	110	400272	4922437	52.03	75544	44489	17	38
746	1.037-2015	146	246976	4911751	52.01	55798	32920	24	52
747	1.038-2015	65	966364	4703535	52.03	125173	69173	9	21
748	1.060-2015	63	683457	4697393	51.84	125176	69171	10	22
749	1.061-2015	99	621307	4851797	52.04	96089	54109	12	29
750	1.066-2015	110	534248	4927877	52.06	75549	45282	16	36
751	1.079-2015	60	496760	4755375	52.02	160038	95362	9	19
752	1.080-2015	105	218245	4934759	52.04	90137	46235	17	36
753	1.083-2015	87	651391	4943167	52.08	133693	69095	10	23
754	1.085-2015	76	678242	4940502	52.1	160901	73138	8	19
755	1.086-2015	70	563782	4694817	51.96	115226	61992	11	26
756	1.103-2015	93	535722	4927496	52.07	126877	69178	9	24

757	1.107-2015	96	959860	4966184	52.08	130478	66974	9	23
758	1.108-2015	72	950740	4918055	52.13	144237	73199	8	20
759	1.113-2015	132	203710	4788406	52.04	69199	38100	24	47
760	1.122-2015	72	347161	4611289	51.86	107465	65179	12	26
761	1.126-2015	106	490074	4879368	52.09	85965	47279	15	35
762	1.131-2015	79	961306	4899164	52.08	133703	75553	8	20
763	3.172-2016	262	117271	4833357	51.94	32986	17722	48	97
764	3.173-2016	288	114267	4999057	51.95	34107	19281	48	97
765	1.187-2016	301	138445	4595208	51.82	26047	13748	48	108
766	1.193-2016	498	70918	4500484	51.72	15182	8170	89	190
767	1.198-2016	441	76702	4542663	51.67	17676	9689	77	163
768	2.205-2016	155	281233	4742858	51.93	56976	27702	23	53
769	1.234-2016	44	655091	4660588	52.19	261009	157807	6	11
770	1.240-2016	128	231580	4603205	52.08	60196	28257	23	50
771	3.283-2016	133	247069	4868757	52.01	71730	34840	22	46
772	3.293-2016	241	123078	4537484	51.93	33272	15863	42	90
773	3.294-2016	272	107793	4532072	51.87	32104	17152	45	92
774	1.303-2016	139	360189	4539644	52.11	57896	28331	23	50
775	2.318-2016	128	287731	4706607	51.9	61709	31896	21	49
776	1.368-2016	179	217108	4799152	52.08	49866	26315	29	62
777	3.371-2016	213	127758	5039496	51.66	45980	22860	37	76
778	3.373-2016	292	91825	5004649	51.64	29893	17293	56	111
779	3.374-2016	225	144972	4850335	51.92	44672	21292	34	77
780	3.375-2016	445	79268	4804929	51.77	19185	9942	72	160
781	1.395-2016	170	153801	4888212	51.99	53539	29292	29	58
782	1.398-2016	113	323246	4917518	51.9	98675	38886	17	38
783	2.400-2016	77	367186	4602542	52.04	92032	52253	14	30
784	1.428-2016	284	132770	4673521	51.92	24081	14349	56	117
785	1.429-2016	166	179482	4894804	51.86	58701	28224	25	57
786	1.450-2016	221	160746	4857408	51.81	43382	21475	35	75
787	1.461-2016	327	109157	4688339	51.93	26368	13112	55	118
788	1.469-2016	166	237005	4789742	52.03	52983	28226	26	56
789	1.471-2016	168	235666	4718309	51.84	61879	24469	23	54
790	1.484-2016	31	1304911	4684758	52.11	406075	190187	3	8
791	4.492-2016	147	263997	4792901	52.08	62036	32090	26	52
792	1.500-2016	73	308687	4661877	52.07	118145	66455	14	28
793	1.506-2016	250	87876	4862629	51.94	36267	20336	47	93
794	1.010-2017	189	127847	4648046	51.92	41038	22877	34	72

795	1.565-2016	204	171253	4864065	51.87	46792	25509	31	69
796	1.575-2016	62	575777	4898401	51.97	179521	101020	8	16
797	1.595-2016	312	72674	4668706	51.83	24613	14084	62	124
798	1.596-2016	128	228653	4736531	51.9	67427	44516	23	45
799	1.119-2017	133	769944	5255791	51.68	115016	58374	12	29
800	1.124-2017	153	758086	5250028	51.66	74195	43227	18	41
801	1.127-2017	40	963826	4748678	52.08	209706	119437	6	13
802	1.181-2017	44	663644	4955030	51.95	269971	130431	6	13
803	1.004-2017	338	87824	4731390	51.9	25332	14689	61	121
804	1.024-2017	171	201729	4686545	51.93	46206	24568	28	63
805	1.043-2017	233	172584	4752972	52.01	32591	18593	43	90
806	3.049-2017	202	171876	4765286	52.04	43519	22992	33	71
807	3.054-2017	142	281128	4634216	51.97	53799	27786	22	52
808	3.055-2017	107	260100	4647848	52	68851	43143	19	40
809	1.057-2017	212	254487	4859309	51.83	43763	20498	33	75
810	2.066-2017	213	132298	4770332	51.79	38593	21296	35	77
811	2.067-2017	263	96497	4672197	51.81	30924	16695	47	97
812	1.184-2017	33	963827	4721298	52.09	400840	170961	4	9
813	1.185-2017	121	900791	5334796	51.7	149421	77321	9	21
814	1.191-2017	47	662180	4930987	51.83	348614	130418	6	11
815	3.205-2017	53	485811	4776780	52.01	231258	144849	7	13
816	6.199-2017	70	867238	5089494	51.63	205433	126856	7	15
817	1.207-2017	37	963813	4688168	52.1	227578	152796	5	11
818	3.266-2017	107	410700	4493163	52.02	107940	55736	13	27
819	1.286-2017	57	570991	4944535	51.94	215946	93867	7	16
820	1.293-2017	60	570984	4888435	51.92	180452	84305	8	19
821	3.562-2017	50	592561	4815392	51.91	213076	144967	7	13
822	3.563-2017	113	673179	5078850	51.8	189830	115295	7	15
823	3.564-2017	78	274002	4889399	52.14	131907	93760	15	25
824	3.565-2017	67	622057	4860346	52.17	185209	103872	8	16
825	3.566-2017	66	541824	4865248	52.17	187987	103846	7	15
826	3.567-2017	107	300999	4889040	52.14	143321	76113	12	23
827	3.568-2017	129	284553	4937578	52.13	131891	57487	13	26
828	3.569-2017	33	966491	4715505	52	305528	171001	5	10
829	3.570-2017	47	805824	4698303	51.98	171001	93910	6	16
830	3.574-2017	54	691565	4688264	52.15	211244	82832	6	15
831	3.575-2017	74	510608	4913235	51.92	170156	88214	10	20
832	3.579-2017	53	662405	4975572	51.91	231622	120266	7	15

833	3.581-2017	52	714454	5019207	51.92	354102	122169	5	12
834	3.582-2017	45	749375	4817011	51.9	231563	149719	6	12
835	3.583-2017	54	354035	4807954	51.91	212945	124038	9	17
836	3.584-2017	58	548794	4809662	51.9	212973	118889	8	17
837	3.588-2017	81	858523	4986705	51.97	105847	67331	9	24
838	3.592-2017	54	919509	4754512	52.1	153772	96290	8	17
839	3.594-2017	53	778083	4667356	52.1	185833	88717	7	16
840	3.596-2017	37	919576	4678211	52.13	243119	119304	5	12
841	3.595-2017	45	919538	4687337	52.1	243109	116386	5	13
842	3.742-2017	156	149576	5056273	52.04	61214	33361	27	53

N50: Longitud de la secuencia del contig más corto al 50 % de la longitud total del genoma.

N75: Longitud de la secuencia del contig más corto al 75 % de la longitud total del genoma.

L50: El menor número de contigs cuya longitud suma la mitad del tamaño del genoma.

L75: El menor número de contigs cuya longitud suma los 3/4 del tamaño del genoma.

Anexo 5. Datos de las cepas de *Salmonella* no tifoidea secuenciadas en Perú de estudios previos.

Nro de orden	Código del aislado	Año de aislamiento	Departamento	Serovar	ST	Nro de acceso
1	01 8552	2001	-	Paratyphi A	85	GCA_011346225
2	1.006-2013	2012	Lima	Infantis	32	GCA_008928125
3	1.018-2013	2012	Lima	Infantis	32	GCA_005970605
4	1.021-2013	2012	Lima	Infantis	32	GCA_008928145
5	1.066-2011	2011	Lima	Infantis	32	GCA_008928285
6	1.068-2011	2011	Lima	Infantis	32	GCA_008928305
7	1.068-2014	2014	Lima	Infantis	32	GCA_008928245
8	1.107-2011	2011	Lima	Infantis	32	GCA_008928325
9	1.168-2011	2011	Lima	Infantis	32	GCA_006030215
10	1.230-2011	2011	Lima	Infantis	32	GCA_008928025
11	1.279-2014	2014	Lima	Infantis	32	GCA_006030635
12	1.319.2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_006098555
13	1.336-2011	2011	Lima	Infantis	32	GCA_006031915
14	1.336-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_006098375
15	1.356-2010	2010	Lima	Infantis	32	GCA_006030715
16	1.365-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_005967365
17	1.366-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_008928265
18	1.471-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_008928465
19	1.472-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_005968005
20	1.473-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_006031935
21	1.475-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_006098455
22	1.476-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_008928505
23	1.477-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_006096815
24	1.478-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_008928105
25	1.479-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_008928525
26	1.480-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_008930065
27	1.481-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_005970585
28	1.482-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_006096575
29	1.483-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_005970625
30	1.484-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_008926475
31	1.485-2013	2013	Lima	Infantis	32	GCA_005970545
32	1.485-2014	2014	Lima	Infantis	32	GCA_005969625
33	1.547-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_006031855
34	1.572-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_008928385
35	1.599-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_005970405
36	1.600-2014	2014	Lima	Infantis	32	GCA_008928165
37	1.627-2014	2014	Lima	Infantis	32	GCA_006030595
38	1.628-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_006030735
39	1.631-2014	2014	Lima	Infantis	32	GCA_005969585
40	1.645-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_008928365
41	1.664-2014	2014	Lima	Infantis	32	GCA_005970665
42	1.666-2010	2010	Lima	Infantis	32	GCA_005969565
43	1.666-2014	2014	Lima	Infantis	32	GCA_006031955
44	1.675-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_008928405
45	1.689-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_005967445
46	1.723-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_006030795
47	1.729-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_008928085
48	1.748-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_005967105
49	1.776-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_008928445
50	1.777-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_008928485
51	1.799-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_008928425
52	1.811-2012	2012	Lima	Infantis	32	GCA_005970645
53	2.247-2013	2013	-	Infantis	32	GCA_008928185
54	2.249-2013	2013	-	Infantis	32	GCA_005967945
55	2.751-2008	2008	-	Braenderup	22	GCA_006097055
56	3.001-2013	2012	-	Infantis	32	GCA_008928195
57	3.394-2010	2010	-	Infantis	32	GCA_005967375
58	3.396-2010	2010	-	Infantis	32	GCA_008929865
59	3.474-2012	2012	-	Infantis	32	GCA_008927985
60	3.560-2010	2010	-	Infantis	32	GCA_005970295
61	4.001-2019	2018	Callao	Enteritidis	11	GCA_014831135
62	4.002-2019	2018	Callao	Enteritidis	11	GCA_014831125
63	4.003-2019	2018	Callao	Enteritidis	11	GCA_014831185
64	6.892-2018	2018	Callao	Enteritidis	11	GCA_014831295
65	6.893-2018	2018	Callao	Enteritidis	11	GCA_014831175
66	6.894-2018	2018	Callao	Enteritidis	11	GCA_014831275
67	6.895-2018	2018	Callao	Enteritidis	11	GCA_014831245

68	6.898-2018	2018	Callao	Enteritidis	11	GCA_014831215
69	6.902-2018	2018	Callao	Enteritidis	11	GCA_014831235
70	A5233	2005	-	Paratyphi A	85	GCA_011297495
71	Burnett-SPE22	2010	-	Enteritidis	11	GCA_007915005
72	Burnett-SPE25	2010	-	Paratyphi A	85	GCA_006077435
73	Burnett-SPE33	2009	-	Typhimurium	19	GCA_006145215
74	Burnett-SPE34	2011	-	Choleraesuis	68	GCA_006077315
75	Burnett-SPE39	2012	-	Enteritidis	11	GCA_007911585
76	Burnett-SPE41	2008	-	Typhimurium	19	GCA_007911005
77	Burnett-SPE42	2011	-	Typhimurium	19	GCA_007914865
78	Burnett-SPE43	2010	-	Typhimurium	19	GCA_007911085
79	Burnett-SPE44	2010	-	Typhimurium	19	GCA_006002965
80	Burnett-SPE50	2010	-	Typhimurium	19	GCA_006484585
81	Burnett-SPE6	2008	-	Enteritidis	11	GCA_006144995
82	Burnett-SPE64	2009	-	Enteritidis	11	GCA_006484305
83	Burnett-SPE65	2009	-	Typhimurium	19	GCA_006483525
84	Burnett-SPE70	2008	-	Paratyphi B	86	GCA_006485245
85	Burnett-SPE74	2008	-	Typhimurium	19	GCA_016261285
86	Burnett-SPE76	2009	-	Typhimurium	19	GCA_006483625
87	Burnett-SPE78	2008	-	Enteritidis	11	GCA_006484405
88	Burnett-SPE82	2010	-	Enteritidis	11	GCA_006484325
89	Burnett-SPE84	2010	-	Enteritidis	11	GCA_006484265
90	Burnett-SPE90	2010	-	Enteritidis	11	GCA_006483555
91	Burnett-SPE93	2010	-	Enteritidis	11	GCA_006484845
92	FCC0043	2010	-	Anatum	64	GCA_010490795
93	FDA00001103	2007	-	Kottbus	582	GCA_004225105
94	FDA00001224	2008	-	Sandiego	126	GCA_004215395
95	FDA00001312	2009	-	Typhimurium	19	GCA_007761495
96	FDA00008333	2014	-	Sandiego	126	GCA_007744595
97	FDA475505 2-1	2008	-	Enteritidis	11	GCA_008915925
98	FDA616438 1-1-1	2010	-	Carrau	2405	GCA_014758745
99	FNE0141	2013	-	Dortmund	2293	GCA_010368625
100	FSE0195	2010	-	Newport	118	GCA_010490855
101	FSF0091	2011	-	Infantis	32	GCA_011626645
102	FSW0160	2013	-	Carrau	2405	GCA_010565975
103	FSW0161	2013	-	Agona	13	GCA_011080775
104	GEIS1126	2012	-	Infantis	32	GCA_007908465
105	GEIS1149	2012	-	Infantis	2937	GCA_006211565
106	GEIS1188	2012	-	Infantis	32	GCA_006211625
107	GEIS1193	2012	-	Infantis	32	GCA_006211385
108	GEIS1195	2012	-	Infantis	32	GCA_006211575
109	GEIS1218	2012	-	Infantis	32	GCA_006210405
110	GEIS1229	2012	-	Infantis	2937	GCA_006294255
111	GEIS1318	2012	-	Infantis	32	GCA_006212305
112	GEIS1351	2012	-	Infantis	32	GCA_006332765
113	GEIS1353	2012	-	Infantis	32	GCA_006331935
114	GEIS1354	2012	-	Infantis	32	GCA_004189555
115	GEIS1357	2012	-	Infantis	32	GCA_006212545
116	GEIS1360	2012	-	Infantis	32	GCA_006210645
117	GEIS1364	2012	-	Infantis	32	GCA_006210225
118	GEIS1365	2012	-	Infantis	32	GCA_006210385
119	GEIS1542	2012	-	Infantis	32	GCA_006212345
120	GEIS1614	2012	-	Infantis	32	GCA_006292395
121	GEIS1931	2012	-	Infantis	32	GCA_004187315
122	GEIS1937	2012	-	Infantis	32	GCA_006211965
123	GEIS1944	2012	-	Infantis	32	GCA_003873895
124	GEIS2425	2013	-	Infantis	32	GCA_006292555
125	GEIS2691	2012	-	Infantis	32	GCA_003874015
126	GEIS2886	2013	-	Infantis	32	GCA_004187495
127	GEIS2887	2013	-	Infantis	32	GCA_006211905
128	GEIS2888	2013	-	Infantis	32	GCA_002214875
129	GEIS2954	2013	-	Infantis	32	GCA_006210605
130	GEIS2985	2013	-	Infantis	32	GCA_006210665
131	GEIS3032	2013	-	Infantis	32	GCA_006294515
132	GEIS3104	2013	-	Infantis	32	GCA_006292515
133	GEIS3110	2013	-	Infantis	32	GCA_006332885
134	GEIS3153	1999	-	Enteritidis	11	GCA_016380645
135	GEIS3250	2010	-	Infantis	32	GCA_006211145.
136	GEIS3252	2013	-	Infantis	32	GCA_006210585
137	GEIS3295	2013	-	Infantis	32	GCA_006212165
138	GEIS3301	2013	-	Infantis	32	GCA_006210325
139	GEIS3376	2013	-	Infantis	32	GCA_006210305
140	GEIS3377	2013	-	Infantis	32	GCA_004187915
141	GEIS3398	2013	-	Infantis	32	GCA_004187435
142	GEIS3428	2013	-	Infantis	32	GCA_006292495
143	GEIS3528	2013	-	Infantis	32	GCA_006332865

144	GEIS3743	2013	-	Infantis	32	GCA_006211265
145	GEIS3785	2014	-	Infantis	32	GCA_006294475
146	GEIS3996	2014	-	Infantis	32	GCA_006332805
147	GEIS4014	2014	-	Infantis	32	GCA_006211765
148	GEIS4147	2014	-	Infantis	32	GCA_006212225
149	GEIS4212	2014	-	Infantis	32	GCA_003873995
150	GLO21545	2009	-	Infantis	32	GCA_006332005
151	GLO2160	1999	-	Livingstone	457	GCA_006520695
152	GLO21972	2010	-	Infantis	32	GCA_006293115
153	GLO22055	2010	-	Infantis	32	GCA_006292275
154	GLO22073	2010	-	Infantis	32	GCA_006332025
155	GLO22077	2010	-	Infantis	32	GCA_006211365
156	GLO22084	2009	-	Typhimurium	19	GCA_004189595
157	GLO22115	2010	-	Typhimurium	19	GCA_005997785
158	GLO22219	2010	-	Infantis	32	GCA_006292535
159	GLO22275	2010	-	Infantis	32	GCA_006294215
160	GLO22300	2010	-	Infantis	32	GCA_006211485
161	GLO22302	2010	-	Infantis	32	GCA_006332905
162	GLO22305	2010	-	Infantis	32	GCA_006211745
163	GLO22451	2010	-	Infantis	32	GCA_006212325
164	GLO22464	2010	-	Infantis	32	GCA_006211685
165	GLO22564	2010	-	Infantis	32	GCA_006211445
166	GLO22716	2010	-	Infantis	32	GCA_006211865
167	GLO22725	2010	-	Infantis	32	GCA_006211185
168	GLO22785	2010	-	Infantis	32	GCA_006211405
169	GLO22885	2010	-	Infantis	32	GCA_006211105
170	GLO22886	2010	-	Infantis	32	GCA_006211785
171	GLO22917	2010	-	Infantis	32	GCA_006292595
172	GLO22992	2010	-	Infantis	32	GCA_004187335
173	GLO23049	2010	-	Infantis	32	GCA_006211225
174	GLO23296	2010	-	Infantis	32	GCA_018340565
175	GLO23297	2010	-	Infantis	32	GCA_006211275
176	GLO23344	2010	-	Infantis	32	GCA_006332845
177	GLO23384	2010	-	Infantis	32	GCA_006211985
178	GLO23556	2010	-	Infantis	32	GCA_006210915
179	GLO23726	2010	-	Infantis	32	GCA_006211705
180	GLO23730	2010	-	Infantis	32	GCA_006212205
181	GLO23770	2010	-	Infantis	32	GCA_006292615
182	GLO24063	2011	-	Infantis	32	GCA_006211505
183	GLO24186	2011	-	Infantis	32	GCA_006294495
184	GLO24318	2011	-	Infantis	32	GCA_006332785
185	GLO24619	2011	-	Infantis	32	GCA_006211345
186	GLO25011	2011	-	Enteritidis	11	GCA_006143325
187	GLO25076	2011	-	Infantis	32	GCA_006211845
188	GLO25217	2011	-	Infantis	32	GCA_006212365
189	GLO25229	2011	-	Typhimurium	19	GCA_006143655
190	GLO25271	2011	-	Infantis	32	GCA_006212285
191	GLO25287	2011	-	Infantis	32	GCA_004189575
192	GLO25300	2011	-	Infantis	32	GCA_006211305
193	GLO25442	2011	-	Infantis	32	GCA_006210625
194	GLO25504	2011	-	Infantis	32	GCA_006211825
195	GLO25545	2011	-	Infantis	32	GCA_006332945
196	GLO25546	2011	-	Infantis	32	GCA_006210445
197	GLO25547	2011	-	Infantis	32	GCA_006211085
198	GLO25548	2011	-	Infantis	32	GCA_006211525
199	GLO25552	2011	-	Infantis	32	GCA_003873955
200	GLO25713	2011	-	Infantis	32	GCA_006211545
201	GLO25748	2011	-	Infantis	32	GCA_006294275
202	GLO25819	2011	-	Infantis	32	GCA_006294195
203	GLO25886	2011	-	Infantis	32	GCA_006294135
204	GLO25903	2011	-	Enteritidis	11	GCA_005998225
205	GLO25912	2011	-	Enteritidis	11	GCA_005998345
206	GLO25950	2011	-	Enteritidis	11	GCA_005998205
207	GLO25953	2011	-	Infantis	32	GCA_006332825
208	GLO25998	2011	-	Infantis	32	GCA_004187415
209	GLO26284	2012	-	Infantis	32	GCA_006212265
210	GLO26311	2012	-	Infantis	32	GCA_006292575
211	GLO26312	2012	-	Infantis	32	GCA_006212185
212	GLO26317	2012	-	Infantis	32	GCA_004189515
213	GLO26348	2012	-	Enteritidis	11	GCA_005998445
214	GLO26554	2012	-	Infantis	32	GCA_006292475
215	GLO26677	2012	-	Typhimurium	19	GCA_007908425
216	GLO26731	2012	-	Infantis	32	GCA_004189535
217	GLO26749	2012	-	Infantis	32	GCA_006212245
218	GLO26777	2012	-	Typhimurium	19	GCA_006073715
219	GLO26779	2012	-	Infantis	32	GCA_006210565

220	GLO5424	2002	-	Ohio	329	GCA_006520655
221	GLO5646	2002	-	Thompson	26	GCA_006520635
222	GLO6061	2002	-	Oranienburg	23	GCA_006520615
223	HDAC1127	1998	-	Choleraesuis	68	GCA_007244675
224	inss1	2014	Lima	Infantis	32	GCA_009916305
225	inss10	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012272165
226	inss11	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012272115
227	inss12	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012271965
228	inss13	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012272135
229	inss14	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012272095
230	inss15	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012271975
231	inss16	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012271935
232	inss17	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272225
233	inss19	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272195
234	inss2	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012939885
235	inss20	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272245
236	inss21	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272205
237	inss22	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272255
238	inss23	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272295
239	inss24	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272315
240	inss25	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012271945
241	inss26	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272335
242	inss27	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272345
243	inss28	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272375
244	inss29	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272395
245	inss3	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012939845
246	inss30	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012271955
247	inss31	2015	Lima	Infantis	32	GCA_012272425
248	inss32	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272055
249	inss33	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272415
250	inss34	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272455
251	inss35	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272405
252	inss36	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272505
253	inss37	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272535
254	inss39	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272525
255	inss4	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012939865
256	inss40	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272515
257	inss41	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272035
258	inss42	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272495
259	inss43	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272605
260	inss44	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272065
261	inss45	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272615
262	inss46	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012272595
263	inss5	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012939875
264	inss6	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012939855
265	inss7	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012939945
266	inss8	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012939985
267	inss9	2014	Lima	Infantis	32	GCA_012272105
268	SMVET11	2016	Lima	Typhimurium	19	GCA_024721515
269	SMVET12	2016	Lima	Typhimurium	19	GCA_024721465
270	SMVET19	2016	Lima	Typhimurium	19	GCA_024721495
271	SMVET20	2016	Lima	Typhimurium	19	GCA_024721485
272	SMVET21	2015	Lima	Typhimurium	19	GCA_024721445
273	SMVET22	2015	Lima	Typhimurium	19	GCA_024721395
274	SPE100	2013	Lima	Infantis	32	GCA_012223825
275	SPE101	2016	Lima	Infantis	32	GCA_002119135
276	SPE102	2016	Lima	Infantis	32	GCA_012223285
277	SPE55	2011	Lima	Infantis	32	GCA_012224005
278	STc12	2016	Lima	Typhimurium	19	GCA_024721425
279	STc8	2015	Lima	Typhimurium	19	GCA_024721385
280	STc9	2015	Lima	Typhimurium	19	GCA_024721365

-: Dato no disponible

Anexo 6. Secuenciotipos y números de acceso de *Salmonella* no tifoidea secuenciadas en este estudio.

Nro de orden	Código del aislado	Serovar	ST	Nro de acceso
1	3.119-1999	Enteritidis	11	SRR28279485
2	3.105-1999	Enteritidis	11	SRR28278942
3	3.110-1999	Enteritidis	11	SRR28279374
4	3.112-1999	Enteritidis	11	SRR28279120
5	2.824-1999	Enteritidis	11	SRR28279021
6	3.056-1999	Newport	31	SRR28278981
7	3.026-1999	Newport	31	SRR28279020
8	2.236-1999	Enteritidis	11	SRR28278997
9	2.848-1999	Enteritidis	11	SRR28278958
10	2.840-1999	Enteritidis	11	SRR28278980
11	2.846-1999	Enteritidis	11	SRR28278969
12	2.838-1999	Enteritidis	11	SRR28279212
13	1.389-1999	Typhimurium	19	SRR28279254
14	1.480-1999	Enteritidis	11	SRR28279607
15	2.352-1999	Enteritidis	11	SRR28278986
16	2.694-1999	Typhimurium	19	SRR28279577
17	1.299-1999	Enteritidis	11	SRR28279662
18	2.834-1999	Enteritidis	11	SRR28279234
19	2.850-1999	Enteritidis	11	SRR28279192
20	2.852-1999	Enteritidis	11	SRR28279181
21	2.835-1999	Enteritidis	11	SRR28279223
22	2.849-1999	Enteritidis	11	SRR28278947
23	2.586-1999	Newport	31	SRR28279599
24	2.588-1999	Typhimurium	19	SRR28279588
25	2.003-2000	Newport	31	SRR28279019
26	2.055-2000	Newport	31	SRR28279008
27	4.064-2000	Enteritidis	11	SRR28279170
28	1.615-2000	Enteritidis	11	SRR28278941
29	1.629-2000	Mbandaka	413	SRR28278930
30	2.674-2000	Typhimurium	19	SRR28279362
31	2.677-2000	Newport	31	SRR28279351
32	2.066-2000	Newport	31	SRR28279557
33	2.097-2000	Newport	31	SRR28279546
34	2.240-2000	Indiana	17	SRR28279535
35	1.354-2000	Enteritidis	11	SRR28279388
36	2.390-2000	Enteritidis	11	SRR28279156
37	2.391-2000	Enteritidis	11	SRR28279145
38	2.393-2000	Enteritidis	11	SRR28279134
39	1.235-2000	Enteritidis	11	SRR28279399
40	2.394-2000	Enteritidis	11	SRR28279373
41	2.701-2000	Typhimurium	19	SRR28278904
42	2.823-2000	Typhimurium	19	SRR28279510
43	2.828-2000	Hadar	33	SRR28279499
44	2.830-2000	Hadar	33	SRR28279119
45	2.833-2000	Typhimurium	19	SRR28279108
46	2.917-2000	Typhimurium	19	SRR28279097
47	1.942-2000	Typhimurium	19	SRR28278919
48	1.944-2000	Typhimurium	19	SRR28279568
49	1.1028-2000	Typhimurium	19	SRR28279410
50	2.780-2000	Typhimurium	19	SRR28279734
51	2.817-2000	Typhimurium	19	SRR28279521
52	2.808-2000	Typhimurium	19	SRR28279723
53	2.812-2000	Typhimurium	19	SRR28279532
54	2.445-2001	Mbandaka	413	SRR28279301
55	2.455-2001	Mbandaka	413	SRR28279290
56	2.456-2001	Mbandaka	413	SRR28279279
57	1.358-2001	Mbandaka	413	SRR28279337
58	2.558-2001	Enteritidis	11	SRR28279673
59	2.566-2001	Mbandaka	413	SRR28279661
60	2.567-2001	Mbandaka	413	SRR28279650
61	1.607-2001	Mbandaka	413	SRR28279326
62	2.615-2001	Enteritidis	11	SRR28279459
63	2.629-2001	Enteritidis	11	SRR28279448
64	2.006-2001	Typhimurium	19	SRR28279496
65	2.007-2001	Typhimurium	19	SRR28279484
66	2.011-2001	Typhimurium	19	SRR28279473

67	2.004-2001	Enteritidis	11	SRR28279687
68	2.015-2001	Enteritidis	11	SRR28279462
69	2.121-2001	Typhimurium	19	SRR28279083
70	2.288-2001	Enteritidis	11	SRR28279072
71	1.676-2001	Typhimurium	19	SRR28279709
72	1.653-2001	Typhimurium	19	SRR28279315
73	2.814-2000	Typhimurium	19	SRR28279426
74	2.802-2001	Typhimurium	19	SRR28279437
75	2.816-2001	Typhimurium	19	SRR28279047
76	2.817-2001	Typhimurium	19	SRR28279036
77	2.836-2001	Typhimurium	19	SRR28279025
78	2.837-2001	Typhimurium	19	SRR28279265
79	2.838-2001	Typhimurium	19	SRR28279253
80	2.839-2001	Typhimurium	19	SRR28279242
81	2.842-2001	Enteritidis	11	SRR28279636
82	2.846-2001	Enteritidis	11	SRR28279625
83	2.847-2001	Mbandaka	413	SRR28279614
84	2.850-2001	Enteritidis	11	SRR28279612
85	2.853-2001	Mbandaka	413	SRR28279611
86	2.884-2001	Enteritidis	11	SRR28279610
87	1.960-2001	Enteritidis	11	SRR28279698
88	2.439-2001	Mbandaka	413	SRR28279061
89	2.186-2002	Mbandaka	413	SRR28279418
90	1.188-2002	Enteritidis	11	SRR28279425
91	1.032-2002	Mbandaka	413	SRR28279609
92	3.071-2002	Mbandaka	413	SRR28279015
93	2.089-2002	Enteritidis	11	SRR28279422
94	1.086-2002	Mbandaka	413	SRR28279606
95	1.084-2002	Enteritidis	11	SRR28279608
96	3.081-2002	Enteritidis	11	SRR28279014
97	2.137-2002	Enteritidis	11	SRR28279421
98	2.139-2002	Enteritidis	11	SRR28279420
99	2.149-2002	Enteritidis	11	SRR28279419
100	3.153-2002	Enteritidis	11	SRR28279013
101	3.154-2002	Enteritidis	11	SRR28279012
102	3.155-2002	Enteritidis	11	SRR28279011
103	2.225-2002	Enteritidis	11	SRR28279416
104	2.227-2002	Enteritidis	11	SRR28279018
105	3.250-2002	Enteritidis	11	SRR28279010
106	3.251-2002	Enteritidis	11	SRR28279009
107	1.363-2002	Enteritidis	11	SRR28279423
108	3.334-2002	Mbandaka	413	SRR28279007
109	2.383-2002	Newport	31	SRR28279016
110	1.296-2002	Newport	31	SRR28279424
111	2.284-2002	Newport	31	SRR28279017
112	3.073-2003	Newport	31	SRR28279005
113	3.143-2003	Newport	31	SRR28279004
114	2.050-2003	Newport	31	SRR28279006
115	2.383-2004	Newport	31	SRR28279003
116	2.158-2005	Newport	31	SRR28279605
117	2.169-2005	Enteritidis	11	SRR28279604
118	1.183-2005	Newport	31	SRR28279002
119	1.190-2005	Enteritidis	11	SRR28279000
120	3.263-2005	Newport	31	SRR28279589
121	3.264-2005	Newport	31	SRR28279587
122	1.188-2005	Newport	31	SRR28279001
123	1.256-2005	Newport	31	SRR28278999
124	3.266-2005	Newport	31	SRR28279586
125	3.268-2005	Newport	31	SRR28279585
126	3.272-2005	Newport	31	SRR28279584
127	3.273-2005	Newport	31	SRR28279583
128	2.297-2005	Newport	31	SRR28279603
129	1.339-2005	Newport	31	SRR28278996
130	2.355-2005	Newport	31	SRR28279602
131	4.410-2005	Newport	31	SRR28279580
132	4.411-2005	Newport	31	SRR28279579
133	1.414-2005	Typhimurium	19	SRR28278995
134	1.421-2005	Newport	45	SRR28278994
135	2.424-2005	Typhimurium	19	SRR28279600
136	1.444-2005	Typhimurium	19	SRR28278993
137	1.455-2005	Typhimurium	19	SRR28278992
138	2.487-2005	Typhimurium	19	SRR28279598
139	2.535-2005	Typhimurium	19	SRR28279597
140	2.556-2005	Typhimurium	19	SRR28279596
141	1.584-2005	Typhimurium	19	SRR28278991
142	2.423-2005	Typhimurium	19	SRR28279601

143	1.599-2005	Enteritidis	11	SRR28278990
144	1.646-2005	Newport	45	SRR28278989
145	1.647-2005	Typhimurium	19	SRR28278988
146	1.649-2005	Newport	45	SRR28278987
147	1.652-2005	Newport	45	SRR28278985
148	1.656-2005	Typhimurium	19	SRR28278984
149	1.660-2005	Newport	45	SRR28278983
150	1.328-2005	Newport	45	SRR28278998
151	1.778-2005	Newport	45	SRR28278982
152	3.779-2005	Newport	45	SRR28279582
153	3.780-2005	Newport	45	SRR28279581
154	2.783-2005	Typhimurium	19	SRR28279595
155	2.784-2005	Typhimurium	19	SRR28279594
156	2.792-2005	Typhimurium	19	SRR28279593
157	2.798-2005	Newport	45	SRR28279592
158	2.800-2005	Newport	45	SRR28279591
159	2.803-2005	Newport	45	SRR28279590
160	2.011-2006	Enteritidis	11	SRR28279229
161	2.012-2006	Enteritidis	11	SRR28279228
162	2.015-2006	Enteritidis	11	SRR28279227
163	1.023-2006	Newport	45	SRR28279578
164	1.028-2006	Typhimurium	19	SRR28279576
165	1.043-2006	Typhimurium	19	SRR28279574
166	2.054-2006	Typhimurium	19	SRR28279226
167	1.102-2006	Typhimurium	19	SRR28279573
168	2.166-2006	Enteritidis	11	SRR28279225
169	3.235-2006	Typhimurium	19	SRR28279210
170	3.238-2006	Oranienburg	23	SRR28279209
171	3.239-2006	Typhimurium	19	SRR28279208
172	3.240-2006	Typhimurium	19	SRR28279207
173	3.241-2006	Typhimurium	19	SRR28279206
174	3.269-2006	Typhimurium	19	SRR28279205
175	1.289-2006	Typhimurium	19	SRR28279571
176	1.290-2006	Newport	45	SRR28279570
177	2.301-2006	Enteritidis	11	SRR28279224
178	2.322-2006	Typhimurium	19	SRR28279222
179	1.340-2006	Newport	45	SRR28278916
180	1.341-2006	Newport	45	SRR28279236
181	2.415-2006	Infantis	32	SRR28279221
182	1.416-2006	Enteritidis	11	SRR28279235
183	2.466-2006	Enteritidis	11	SRR28279220
184	1.417-2006	Newport	31	SRR28279233
185	1.423-2006	Newport	31	SRR28279232
186	1.424-2006	Newport	31	SRR28279231
187	1.439-2006	Newport	31	SRR28279230
188	2.469-2006	Enteritidis	11	SRR28279219
189	2.473-2006	Newport	31	SRR28279218
190	2.474-2006	Newport	31	SRR28279217
191	2.475-2006	Newport	31	SRR28279216
192	2.476-2006	Newport	31	SRR28279215
193	3.519-2006	Enteritidis	11	SRR28279204
194	2.594-2006	Typhimurium	19	SRR28279214
195	2.596-2006	Newport	31	SRR28279213
196	4.620-2006	Newport	31	SRR28279203
197	2.650-2006	Newport	31	SRR28279211
198	1.034-2007	Enteritidis	11	SRR28279575
199	1.102-2007	Newport	31	SRR28279572
200	2.605-2007	Mbandaka	413	SRR28279187
201	1.631-2007	Mbandaka	413	SRR28278946
202	3.644-2007	Mbandaka	413	SRR28279180
203	3.645-2007	Mbandaka	413	SRR28279179
204	3.649-2007	Mbandaka	413	SRR28279178
205	1.655-2007	Mbandaka	413	SRR28279201
206	1.656-2007	Mbandaka	413	SRR28279200
207	3.658-2007	Mbandaka	413	SRR28279177
208	2.607-2007	Mbandaka	413	SRR28279186
209	3.659-2007	Mbandaka	413	SRR28279176
210	3.660-2007	Typhimurium	19	SRR28279175
211	3.777-2007	Mbandaka	413	SRR28279172
212	3.774-2007	Mbandaka	413	SRR28279174
213	3.776-2007	Mbandaka	413	SRR28279173
214	2.832-2007	Enteritidis	11	SRR28279185
215	1.844-2007	Typhimurium	19	SRR28279199
216	1.864-2007	Enteritidis	11	SRR28279198
217	1.868-2007	Paratyphi B	86	SRR28279197
218	3.893-2007	Typhimurium	19	SRR28279171

219	1.915-2007	Hadar	33	SRR28279196
220	3.940-2007	Enteritidis	11	SRR28279169
221	3.941-2007	Mbandaka	413	SRR28279168
222	3.943-2007	Mbandaka	413	SRR28279167
223	3.944-2007	Mbandaka	413	SRR28279166
224	3.945-2007	Agona	13	SRR28279417
225	2.959-2007	Typhimurium	19	SRR28279184
226	2.962-2007	Enteritidis	11	SRR28279183
227	1.1006-2007	Enteritidis	11	SRR28278977
228	1.1148-2007	Enteritidis	11	SRR28278976
229	1.1194-2007	Enteritidis	11	SRR28278974
230	1.1241-2007	Newport	31	SRR28278972
231	1.1268-2007	Infantis	32	SRR28278971
232	1.1270-2007	Senftenberg	14	SRR28278970
233	1.1271-2007	Mbandaka	413	SRR28278968
234	1.1273-2007	Anatum	64	SRR28278967
235	1.048-2007	Newport	31	SRR28279202
236	1.062-2007	Newport	31	SRR28278979
237	1.064-2007	Enteritidis	11	SRR28278978
238	1.119-2007	Newport	31	SRR28278975
239	1.121-2007	Newport	31	SRR28278973
240	2.125-2007	Enteritidis	11	SRR28279195
241	2.127-2007	Newport	31	SRR28279194
242	1.128-2007	Newport	31	SRR28278966
243	1.193-2007	Enteritidis	11	SRR28278965
244	1.194-2007	Enteritidis	11	SRR28278964
245	1.195-2007	Enteritidis	11	SRR28278963
246	1.196-2007	Mbandaka	413	SRR28278962
247	1.197-2007	Mbandaka	413	SRR28278961
248	1.198-2007	Newport	31	SRR28278960
249	1.199-2007	Newport	31	SRR28278959
250	1.201-2007	Newport	31	SRR28278957
251	1.260-2007	Newport	31	SRR28278956
252	1.281-2007	Enteritidis	11	SRR28278955
253	2.311-2007	Newport	31	SRR28279193
254	2.374-2007	Mbandaka	413	SRR28279191
255	2.377-2007	Enteritidis	11	SRR28279190
256	1.418-2007	Newport	31	SRR28278954
257	1.423-2007	Enteritidis	11	SRR28278953
258	2.442-2007	Mbandaka	413	SRR28279189
259	3.452-2007	Mbandaka	413	SRR28279182
260	2.453-2007	Newport	31	SRR28279188
261	1.464-2007	Mbandaka	413	SRR28278952
262	1.490-2007	Enteritidis	11	SRR28278951
263	1.548-2007	Mbandaka	413	SRR28278950
264	1.562-2007	Mbandaka	413	SRR28278949
265	1.583-2007	Enteritidis	11	SRR28278948
266	1.972-2008	Newport	31	SRR28279382
267	1.985-2008	Braenderup	22	SRR28279381
268	1.1038-2008	Braenderup	22	SRR28279413
269	3.1067-2008	Oranienburg	23	SRR28278926
270	1.1156-2008	Newport	31	SRR28279412
271	3.084-2008	Enteritidis	11	SRR28278929
272	2.168-2008	Typhimurium	19	SRR28278944
273	2.171-2008	Enteritidis	11	SRR28278943
274	1.185-2008	Enteritidis	11	SRR28279411
275	2.226-2008	Enteritidis	11	SRR28278940
276	1.285-2008	Rissen	469	SRR28279405
277	1.292-2008	Breda	ND	SRR28279404
278	1.324-2008	Corvallis	1541	SRR28279403
279	1.019-2008	Enteritidis	11	SRR28279415
280	1.020-2008	Enteritidis	11	SRR28279414
281	3.085-2008	Typhimurium	19	SRR28278928
282	3.087-2008	Panama	48	SRR28278927
283	3.124-2008	Enteritidis	11	SRR28278925
284	2.167-2008	Enteritidis	11	SRR28278945
285	1.200-2008	Newport	31	SRR28279409
286	1.212-2008	Paratyphi A	85	SRR28279408
287	1.231-2008	Typhimurium	19	SRR28279407
288	1.245-2008	Paratyphi B	86	SRR28279406
289	1.362-2008	Enteritidis	11	SRR28279401
290	1.357-2008	Enteritidis	11	SRR28279402
291	1.398-2008	Corvallis	1541	SRR28279400
292	1.399-2008	Enteritidis	11	SRR28279398
293	1.404-2008	Enteritidis	11	SRR28279397
294	1.413-2008	Infantis	32	SRR28279396

295	1.426-2008	Infantis	32	SRR28279395
296	1.436-2008	Enteritidis	11	SRR28279394
297	1.485-2008	Corvallis	1541	SRR28279393
298	1.488-2008	Corvallis	1541	SRR28279392
299	2.513-2008	Typhimurium	19	SRR28278939
300	1.534-2008	Braenderup	22	SRR28279391
301	1.596-2008	Oranienburg	23	SRR28279390
302	2.620-2008	Enteritidis	11	SRR28278938
303	1.647-2008	Typhimurium	19	SRR28279389
304	2.655-2008	Typhimurium	19	SRR28278937
305	2.656-2008	Typhimurium	19	SRR28278936
306	1.692-2008	Infantis	32	SRR28279387
307	2.693-2008	Braenderup	22	SRR28278935
308	1.699-2008	Braenderup	22	SRR28279386
309	2.737-2008	Typhimurium	19	SRR28278934
310	2.742-2008	Enteritidis	11	SRR28278933
311	2.778-2008	Braenderup	22	SRR28278932
312	1.784-2008	Newport	31	SRR28279385
313	1.799-2008	Oranienburg	174	SRR28279384
314	1.813-2008	Newport	31	SRR28279383
315	2.843-2008	Newport	31	SRR28278931
316	3.887-2008	Newport	31	SRR28278924
317	3.888-2008	Newport	31	SRR28278923
318	3.051-2009	Typhimurium	19	SRR28279553
319	3.052-2009	Enteritidis	11	SRR28279552
320	3.053-2009	Newport	31	SRR28279551
321	2.054-2009	Newport	31	SRR28279559
322	1.058-2009	Newport	31	SRR28278922
323	1.073-2009	Oranienburg	174	SRR28278921
324	1.131-2009	Newport	31	SRR28278920
325	2.163-2009	Enteritidis	11	SRR28279558
326	3.165-2009	Anatum	64	SRR28279550
327	1.174-2009	Newport	31	SRR28278917
328	1.193-2009	Newport	31	SRR28278915
329	2.194-2009	Typhimurium	19	SRR28279556
330	1.205-2009	Mbandaka	413	SRR28278914
331	1.263-2009	Oranienburg	174	SRR28278913
332	2.290-2009	Oranienburg	174	SRR28279555
333	1.318-2009	Rissen	469	SRR28278912
334	1.322-2009	Enteritidis	11	SRR28278911
335	1.327-2009	Oranienburg	174	SRR28278910
336	3.334-2009	Kentucky	152	SRR28279549
337	1.344-2009	Kentucky	152	SRR28278909
338	1.346-2009	Kentucky	152	SRR28279569
339	2.445-2009	Oranienburg	174	SRR28279554
340	3.454-2009	Enteritidis	11	SRR28279548
341	1.474-1999	Enteritidis	11	SRR28279567
342	3.511-2009	Corvallis	1541	SRR28279547
343	3.512-2009	Mbandaka	413	SRR28279545
344	3.513-2009	Corvallis	1541	SRR28279544
345	3.514-2009	Kentucky	152	SRR28279543
346	3.515-2009	Mbandaka	413	SRR28279542
347	3.516-2009	Hadar	33	SRR28279541
348	3.517-2009	Kentucky	152	SRR28279540
349	3.544-2009	Mbandaka	413	SRR28279539
350	3.545-2009	Corvallis	1541	SRR28279538
351	3.546-2009	Infantis	32	SRR28279537
352	3.547-2009	Corvallis	1541	SRR28279536
353	1.551-2009	Corvallis	1541	SRR28279566
354	3.573-2009	Infantis	32	SRR28279534
355	3.574-2009	Mbandaka	413	SRR28279165
356	3.575-2009	Senftenberg	14	SRR28279164
357	1.614-2009	Senftenberg	14	SRR28279565
358	1.635-2009	Newport	31	SRR28279564
359	1.686-2009	Hadar	33	SRR28279563
360	1.696-2009	Mbandaka	413	SRR28279562
361	1.719-2009	Enteritidis	11	SRR28279561
362	1.780-2009	Enteritidis	11	SRR28279560
363	1.155-2010	Typhimurium	19	SRR28278918
364	1.016-2010	Typhimurium	19	SRR28279162
365	1.033-2010	Infantis	32	SRR28279161
366	1.047-2010	Typhimurium	19	SRR28279160
367	1.049-2010	Mbandaka	413	SRR28279159
368	1.109-2010	Typhimurium	19	SRR28279158
369	1.138-2010	Typhimurium	19	SRR28279157
370	1.151-2010	Typhimurium	19	SRR28279155

371	1.152-2010	Enteritidis	11	SRR28279154
372	1.159-2010	Enteritidis	11	SRR28279153
373	1.167-2010	Enteritidis	11	SRR28279152
374	1.170-2010	Infantis	32	SRR28279151
375	1.174-2010	Infantis	32	SRR28279150
376	1.175-2010	Infantis	32	SRR28279149
377	1.176-2010	Infantis	32	SRR28279148
378	3.194-2010	Infantis	32	SRR28279733
379	3.195-2010	Enteritidis	11	SRR28279732
380	1.199-2010	Infantis	32	SRR28279147
381	2.204-2010	Infantis	32	SRR28278905
382	2.205-2010	Agona	13	SRR28278903
383	2.212-2010	Infantis	32	SRR28278902
384	2.214-2010	Infantis	32	SRR28278901
385	2.225-2010	Infantis	32	SRR28278900
386	1.231-2010	Infantis	32	SRR28279146
387	1.232-2010	Infantis	32	SRR28279144
388	1.243-2010	Infantis	32	SRR28279143
389	1.253-2010	Enteritidis	11	SRR28279142
390	1.259-2010	Enteritidis	11	SRR28279141
391	1.265-2010	Enteritidis	11	SRR28279140
392	1.294-2010	Infantis	32	SRR28279139
393	3.296-2010	Typhimurium	19	SRR28279731
394	1.298-2010	Typhimurium	19	SRR28279138
395	1.324-2010	Enteritidis	11	SRR28279137
396	1.355-2010	Infantis	32	SRR28279136
397	1.359-2010	Infantis	32	SRR28279135
398	1.367-2010	Typhimurium	19	SRR28279133
399	1.372-2010	Paratyphi A	85	SRR28279132
400	1.391-2010	Typhimurium	19	SRR28279131
401	3.395-2010	Infantis	32	SRR28279730
402	3.397-2010	Infantis	32	SRR28279729
403	3.398-2010	Infantis	32	SRR28279728
404	3.400-2010	Infantis	32	SRR28279727
405	3.401-2010	Infantis	32	SRR28279726
406	3.403-2010	Infantis	32	SRR28279725
407	3.405-2010	Infantis	32	SRR28279724
408	1.423-2010	Infantis	32	SRR28279130
409	1.437-2010	Anatum	64	SRR28279380
410	1.438-2010	Anatum	64	SRR28279379
411	1.439-2010	Infantis	32	SRR28279378
412	1.441-2010	Infantis	32	SRR28279377
413	1.442-2010	Infantis	32	SRR28279376
414	2.445-2010	Infantis	32	SRR28279740
415	2.449-2010	Infantis	32	SRR28279739
416	1.460-2010	Infantis	32	SRR28279375
417	1.461-2010	Mbandaka	413	SRR28279372
418	1.473-2010	Infantis	32	SRR28279371
419	1.480-2010	Infantis	32	SRR28279370
420	1.528-2010	Infantis	32	SRR28279369
421	1.530-2010	Infantis	32	SRR28279368
422	1.532-2010	Infantis	32	SRR28279367
423	1.535-2010	Infantis	32	SRR28279366
424	1.536-2010	Infantis	32	SRR28279365
425	1.546-2010	Enteritidis	11	SRR28279364
426	3.547-2010	Enteritidis	11	SRR28279722
427	1.548-2010	Senftenberg	14	SRR28279363
428	1.550-2010	Infantis	32	SRR28279361
429	1.551-2010	Infantis	32	SRR28279360
430	1.556-2010	Infantis	32	SRR28279359
431	1.557-2010	Infantis	32	SRR28279358
432	3.561-2010	Infantis	32	SRR28279721
433	3.562-2010	Infantis	32	SRR28279720
434	3.563-2010	Kentucky	152	SRR28279719
435	3.564-2010	Mbandaka	413	SRR28279718
436	3.565-2010	Mbandaka	413	SRR28279717
437	3.566-2010	Albany	292	SRR28279716
438	3.567-2010	Infantis	32	SRR28279715
439	3.568-2010	Infantis	32	SRR28279714
440	1.569-2010	Enteritidis	11	SRR28279357
441	1.571-2010	Infantis	32	SRR28279356
442	1.572-2010	Infantis	32	SRR28279355
443	1.576-2010	Agona	13	SRR28279354
444	1.580-2010	Infantis	32	SRR28279353
445	1.581-2010	Typhimurium	19	SRR28279352
446	1.582-2010	Infantis	32	SRR28279350

447	3.590-2010	Infantis	32	SRR28279533
448	3.591-2010	Infantis	32	SRR28279531
449	1.595-2010	Enteritidis	11	SRR28279349
450	1.599-2010	Enteritidis	11	SRR28279348
451	1.606-2010	Mbandaka	413	SRR28279347
452	1.620-2010	Infantis	32	SRR28279346
453	1.621-2010	Infantis	32	SRR28279345
454	1.622-2010	Enteritidis	11	SRR28278908
455	1.631-2010	Enteritidis	11	SRR28278907
456	2.646-2010	Enteritidis	11	SRR28279738
457	2.649-2010	Enteritidis	11	SRR28279737
458	2.666-2010	Infantis	32	SRR28279736
459	2.670-2010	Paratyphi B	86	SRR28279735
460	1.678-2010	Infantis	32	SRR28278906
461	1.001-2011	Enteritidis	11	SRR28279163
462	1.023-2011	Enteritidis	11	SRR28279528
463	1.024-2011	Typhimurium	19	SRR28279527
464	1.025-2011	Typhimurium	19	SRR28279526
465	1.045-2011	Infantis	32	SRR28279525
466	2.094-2011	Infantis	32	SRR28279113
467	1.176-2011	Infantis	32	SRR28279524
468	1.183-2011	Infantis	32	SRR28279523
469	1.197-2011	Infantis	32	SRR28279522
470	1.201-2011	Infantis	32	SRR28279520
471	1.211-2011	Infantis	32	SRR28279519
472	1.212-2011	Anatum	64	SRR28279518
473	1.213-2011	Anatum	64	SRR28279517
474	1.214-2011	Infantis	32	SRR28279516
475	1.215-2011	Infantis	32	SRR28279515
476	1.217-2011	Infantis	32	SRR28279514
477	1.262-2011	Infantis	32	SRR28279513
478	1.274-2011	Infantis	32	SRR28279512
479	1.276-2011	Infantis	32	SRR28279511
480	1.289-2011	Infantis	32	SRR28279509
481	1.298-2011	Infantis	32	SRR28279508
482	1.309-2011	Infantis	32	SRR28279507
483	1.317-2011	Infantis	32	SRR28279506
484	1.318-2011	Infantis	32	SRR28279505
485	1.319-2011	Infantis	32	SRR28279504
486	1.327-2011	Infantis	32	SRR28279503
487	1.335-2011	Infantis	32	SRR28279502
488	1.337-2011	Infantis	32	SRR28279501
489	1.341-2011	Infantis	32	SRR28279500
490	1.385-2011	Infantis	32	SRR28279498
491	1.386-2011	Enteritidis	11	SRR28279129
492	1.392-2011	Infantis	32	SRR28279128
493	1.393-2011	Infantis	32	SRR28279127
494	1.417-2011	Infantis	32	SRR28279126
495	1.421-2011	Infantis	32	SRR28279125
496	1.423-2011	Infantis	32	SRR28279124
497	1.424-2011	Enteritidis	11	SRR28279123
498	1.437-2011	Infantis	32	SRR28279122
499	1.447-2011	Typhimurium	19	SRR28279121
500	2.509-2011	Infantis	32	SRR28279112
501	1.536-2011	Infantis	32	SRR28279118
502	1.577-2011	Typhimurium	19	SRR28279117
503	1.578-2011	Infantis	32	SRR28279116
504	1.580-2011	Typhimurium	19	SRR28279115
505	1.598-2011	Infantis	32	SRR28279114
506	6.069-2011	Infantis	32	SRR28279111
507	1.002-2011	Albany	292	SRR28279530
508	1.009-2011	Infantis	32	SRR28279529
509	1.364-2012	Enteritidis	11	SRR28279333
510	1.388-2012	Enteritidis	11	SRR28279332
511	1.410-2012	Typhimurium	19	SRR28279331
512	1.425-2012	Typhimurium	19	SRR28279330
513	1.448-2012	Enteritidis	11	SRR28279329
514	1.465-2012	Infantis	32	SRR28279328
515	3.475-2012	Infantis	32	SRR28279681
516	1.516-2012	Infantis	32	SRR28279327
517	1.540-2012	Infantis	32	SRR28279325
518	1.552-2012	Infantis	32	SRR28279324
519	1.555-2012	Infantis	32	SRR28279323
520	1.574-2012	Infantis	32	SRR28279322
521	1.576-2012	Enteritidis	11	SRR28279321
522	1.577-2012	Typhimurium	19	SRR28279320

523	2.579-2012	Enteritidis	11	SRR28279690
524	2.580-2012	Enteritidis	11	SRR28279689
525	2.582-2012	Enteritidis	11	SRR28279688
526	2.583-2012	Enteritidis	11	SRR28279686
527	2.584-2012	Enteritidis	11	SRR28279685
528	2.587-2012	Enteritidis	11	SRR28279684
529	2.589-2012	Enteritidis	11	SRR28279683
530	2.590-2012	Enteritidis	11	SRR28279682
531	1.598-2012	Enteritidis	11	SRR28279319
532	1.613-2012	Infantis	32	SRR28279318
533	1.614-2012	Enteritidis	11	SRR28279317
534	1.615-2012	Enteritidis	11	SRR28279316
535	3.634-2012	Infantis	32	SRR28279680
536	1.648-2012	Infantis	32	SRR28279314
537	1.674-2012	Enteritidis	11	SRR28279313
538	1.687-2012	Infantis	32	SRR28279312
539	1.688-2012	Enteritidis	11	SRR28279311
540	1.696-2012	Infantis	32	SRR28279310
541	1.698-2012	Typhimurium	19	SRR28279309
542	1.699-2012	Infantis	32	SRR28279713
543	1.725-2012	Infantis	32	SRR28279712
544	1.726-2012	Typhimurium	19	SRR28279711
545	1.728-2012	Typhimurium	19	SRR28279710
546	1.743-2012	Infantis	32	SRR28279708
547	1.750-2012	Infantis	32	SRR28279707
548	1.751-2012	Infantis	32	SRR28279706
549	1.780-2012	Infantis	32	SRR28279705
550	1.782-2012	Infantis	32	SRR28279704
551	1.783-2012	Typhimurium	19	SRR28279703
552	1.787-2012	Infantis	32	SRR28279702
553	1.790-2012	Enteritidis	11	SRR28279701
554	1.794-2012	Enteritidis	11	SRR28279700
555	1.798-2012	Enteritidis	11	SRR28279699
556	1.002-2012	Enteritidis	11	SRR28279110
557	2.012-2012	Enteritidis	11	SRR28279697
558	1.031-2012	Infantis	32	SRR28279109
559	1.032-2012	Infantis	32	SRR28279107
560	1.063-2012	Enteritidis	11	SRR28279106
561	1.064-2012	Enteritidis	11	SRR28279105
562	1.103-2012	Ohio	329	SRR28279104
563	1.124-2012	Ohio	ND	SRR28279103
564	1.130-2012	Enteritidis	11	SRR28279102
565	2.171-2012	Enteritidis	11	SRR28279696
566	2.174-2012	Enteritidis	11	SRR28279695
567	2.179-2012	Enteritidis	11	SRR28279694
568	2.180-2012	Enteritidis	11	SRR28279693
569	2.181-2012	Enteritidis	11	SRR28279692
570	1.211-2012	Enteritidis	11	SRR28279101
571	1.253-2012	Infantis	32	SRR28279100
572	1.254-2012	Typhimurium	19	SRR28279099
573	4.294-2012	Infantis	32	SRR28279679
574	4.295-2012	Infantis	32	SRR28279678
575	1.296-2012	Typhimurium	19	SRR28279098
576	1.298-2012	Enteritidis	11	SRR28279096
577	1.327-2012	Enteritidis	11	SRR28279095
578	2.331-2012	Enteritidis	11	SRR28279691
579	1.335-2012	Enteritidis	11	SRR28279094
580	1.337-2012	Enteritidis	11	SRR28279344
581	1.342-2012	Enteritidis	11	SRR28279343
582	1.344-2012	Enteritidis	11	SRR28279342
583	1.348-2012	Enteritidis	11	SRR28279341
584	1.350-2012	Enteritidis	11	SRR28279340
585	1.352-2012	Enteritidis	11	SRR28279339
586	1.353-2012	Enteritidis	11	SRR28279338
587	1.355-2012	Enteritidis	11	SRR28279336
588	1.357-2012	Enteritidis	11	SRR28279335
589	1.359-2012	Enteritidis	11	SRR28279334
590	2.358-2013	Enteritidis	11	SRR28279058
591	1.365-2013	Infantis	32	SRR28279088
592	1.367-2013	Infantis	32	SRR28279087
593	1.370-2013	Typhimurium	19	SRR28279086
594	1.375-2013	Infantis	32	SRR28279085
595	1.376-2013	Enteritidis	11	SRR28279084
596	1.378-2013	Enteritidis	11	SRR28279082
597	1.380-2013	Infantis	32	SRR28279081
598	2.390-2013	Enteritidis	11	SRR28279308

599	2.393-2013	Enteritidis	11	SRR28279307
600	1.394-2013	Infantis	32	SRR28279080
601	1.407-2013	Infantis	32	SRR28279079
602	2.429-2013	Infantis	32	SRR28279306
603	1.431-2013	Infantis	32	SRR28279078
604	1.432-2013	Infantis	32	SRR28279077
605	4.442-2013	Typhimurium	19	SRR28279303
606	4.443-2013	Typhimurium	19	SRR28279302
607	2.444-2013	Typhimurium	19	SRR28279305
608	1.456-2013	Infantis	32	SRR28279076
609	1.463-2013	Enteritidis	11	SRR28279075
610	1.470-2013	Infantis	32	SRR28279074
611	1.515-2013	Enteritidis	11	SRR28279073
612	1.518-2013	Saintpaul	50	SRR28279071
613	1.526-2013	Infantis	32	SRR28279070
614	1.537-2013	Enteritidis	11	SRR28279069
615	1.577-2013	Enteritidis	11	SRR28279068
616	1.592-2013	Typhimurium	19	SRR28279067
617	1.594-2013	Typhimurium	19	SRR28279066
618	1.603-2013	Enteritidis	11	SRR28279065
619	1.604-2013	Enteritidis	11	SRR28279064
620	1.607-2013	Typhimurium	19	SRR28279063
621	3.002-2013	Infantis	32	SRR28279304
622	1.007-2013	Infantis	32	SRR28279497
623	1.008-2013	Infantis	32	SRR28279495
624	1.016-2013	Infantis	32	SRR28279494
625	1.023-2013	Infantis	32	SRR28279493
626	1.036-2013	Infantis	32	SRR28279492
627	1.044-2013	Infantis	32	SRR28279491
628	1.046-2013	Infantis	32	SRR28279490
629	1.114-2013	Enteritidis	11	SRR28279489
630	1.116-2013	Infantis	32	SRR28279488
631	1.117-2013	Typhimurium	19	SRR28279487
632	1.118-2013	Enteritidis	11	SRR28279486
633	1.122-2013	Typhimurium	19	SRR28279483
634	1.123-2013	Enteritidis	11	SRR28279482
635	1.124-2013	Infantis	32	SRR28279481
636	1.125-2013	Enteritidis	11	SRR28279480
637	1.127-2013	Enteritidis	11	SRR28279479
638	1.129-2013	Typhimurium	19	SRR28279478
639	1.130-2013	Enteritidis	11	SRR28279477
640	1.134-2013	Enteritidis	11	SRR28279476
641	1.139-2013	Enteritidis	11	SRR28279475
642	1.142-2013	Enteritidis	11	SRR28279474
643	1.143-2013	Enteritidis	11	SRR28279472
644	1.145-2013	Enteritidis	11	SRR28279471
645	1.147-2013	Enteritidis	11	SRR28279470
646	1.150-2013	Typhimurium	19	SRR28279469
647	1.182-2013	Agona	13	SRR28279468
648	1.184-2013	Infantis	32	SRR28279467
649	1.191-2013	Infantis	32	SRR28279466
650	1.210-2013	Infantis	32	SRR28279465
651	2.248-2013	Infantis	32	SRR28279062
652	1.259-2013	Infantis	32	SRR28279464
653	1.275-2013	Derby	40	SRR28279463
654	1.306-2013	Infantis	32	SRR28279093
655	1.309-2013	Infantis	32	SRR28279092
656	1.311-2013	Infantis	32	SRR28279091
657	1.338-2013	Infantis	32	SRR28279090
658	1.341-2013	Newport	31	SRR28279089
659	2.355-2013	Enteritidis	11	SRR28279060
660	2.357-2013	Enteritidis	11	SRR28279059
661	1.029-2014	Typhimurium	19	SRR28279300
662	1.036-2014	Enteritidis	11	SRR28279299
663	1.037-2014	Infantis	32	SRR28279298
664	1.048-2014	Enteritidis	11	SRR28279297
665	1.073-2014	Infantis	32	SRR28279296
666	1.079-2014	Infantis	32	SRR28279295
667	1.163-2014	Infantis	32	SRR28279294
668	1.182-2014	Infantis	32	SRR28279293
669	1.194-2014	Infantis	32	SRR28279292
670	2.196-2014	Enteritidis	11	SRR28279663
671	1.269-2014	Infantis	32	SRR28279291
672	1.271-2014	Enteritidis	11	SRR28279289
673	1.285-2014	Infantis	32	SRR28279288
674	1.330-2014	Typhimurium	19	SRR28279287

675	1.343-2014	Infantis	32	SRR28279286
676	1.350-2014	Infantis	32	SRR28279285
677	1.475-2014	Infantis	32	SRR28279284
678	1.476-2014	Infantis	32	SRR28279283
679	1.477-2014	Anatum	64	SRR28279282
680	1.489-2014	Enteritidis	11	SRR28279281
681	1.490-2014	Enteritidis	11	SRR28279280
682	1.565-2014	Infantis	32	SRR28279278
683	2.578-2014	Enteritidis	11	SRR28279660
684	1.595-2014	Infantis	32	SRR28279277
685	1.605-2014	Infantis	32	SRR28279276
686	1.615-2014	Infantis	32	SRR28279275
687	1.628-2014	Infantis	32	SRR28279274
688	1.635-2014	Infantis	32	SRR28279273
689	1.644-2014	Infantis	32	SRR28279677
690	1.649-2014	Anatum	64	SRR28279676
691	1.668-2014	Infantis	32	SRR28279675
692	1.670-2014	Enteritidis	11	SRR28279674
693	1.671-2014	Infantis	32	SRR28279672
694	1.674-2014	Infantis	32	SRR28279671
695	1.686-2014	Infantis	32	SRR28279670
696	1.688-2014	Infantis	32	SRR28279669
697	1.693-2014	Enteritidis	11	SRR28279668
698	1.695-2014	Infantis	32	SRR28279667
699	1.799-2014	Infantis	32	SRR28279666
700	1.813-2014	Typhimurium	19	SRR28279665
701	1.991-2014	Paratyphi B	86	SRR28279664
702	1.154-2015	Infantis	32	SRR28279452
703	1.157-2015	Infantis	32	SRR28279451
704	1.165-2015	Typhimurium	19	SRR28279450
705	1.166-2015	Typhimurium	19	SRR28279449
706	1.167-2015	Enteritidis	11	SRR28279447
707	1.173-2015	Infantis	32	SRR28279446
708	1.175-2015	Typhimurium	19	SRR28279445
709	1.176-2015	Enteritidis	11	SRR28279444
710	1.177-2015	Infantis	32	SRR28279443
711	1.181-2015	Infantis	32	SRR28279442
712	1.215-2015	Enteritidis	11	SRR28279441
713	1.331-2015	Paratyphi B	86	SRR28279440
714	1.333-2015	Enteritidis	11	SRR28279439
715	1.335-2015	Infantis	32	SRR28279438
716	1.336-2015	Infantis	32	SRR28279436
717	1.338-2015	Infantis	32	SRR28279435
718	1.339-2015	Typhimurium	19	SRR28279434
719	6.383-2015	Enteritidis	11	SRR28279045
720	2.402-2015	Typhimurium	19	SRR28279050
721	2.406-2015	Infantis	32	SRR28279049
722	2.440-2015	Enteritidis	11	SRR28279048
723	2.442-2015	Enteritidis	11	SRR28279046
724	1.453-2015	Enteritidis	11	SRR28279433
725	1.454-2015	Infantis	32	SRR28279432
726	1.455-2015	Typhimurium	19	SRR28279431
727	1.457-2015	Infantis	32	SRR28279430
728	1.458-2015	Enteritidis	11	SRR28279429
729	1.472-2015	Enteritidis	11	SRR28279428
730	1.476-2015	Infantis	32	SRR28279427
731	1.486-2015	Infantis	32	SRR28279057
732	1.524-2015	Typhimurium	19	SRR28279056
733	1.525-2015	Enteritidis	11	SRR28279055
734	1.530-2015	Typhimurium	19	SRR28279054
735	1.533-2015	Enteritidis	11	SRR28279053
736	1.626-2015	Enteritidis	11	SRR28279052
737	1.627-2015	Infantis	32	SRR28279051
738	1.027-2016	Typhimurium	19	SRR28279655
739	1.086-2016	Typhimurium	19	SRR28279461
740	1.002-2015	Enteritidis	11	SRR28279659
741	1.009-2015	Enteritidis	11	SRR28279658
742	1.013-2015	Agona	13	SRR28279657
743	1.026-2015	Typhimurium	19	SRR28279656
744	1.029-2015	Enteritidis	11	SRR28279654
745	1.030-2015	Infantis	32	SRR28279653
746	1.037-2015	Infantis	32	SRR28279652
747	1.038-2015	Enteritidis	11	SRR28279651
748	1.060-2015	Enteritidis	11	SRR28279649
749	1.061-2015	Typhimurium	19	SRR28279648
750	1.066-2015	Infantis	32	SRR28279647

751	1.079-2015	Agona	13	SRR28279646
752	1.080-2015	Infantis	32	SRR28279645
753	1.083-2015	Infantis	32	SRR28279644
754	1.085-2015	Infantis	32	SRR28279643
755	1.086-2015	Enteritidis	11	SRR28279642
756	1.103-2015	Infantis	32	SRR28279460
757	1.107-2015	Infantis	32	SRR28279458
758	1.108-2015	Infantis	32	SRR28279457
759	1.113-2015	Typhimurium	19	SRR28279456
760	1.122-2015	Enteritidis	11	SRR28279455
761	1.126-2015	Infantis	32	SRR28279454
762	1.131-2015	Infantis	32	SRR28279453
763	3.172-2016	Newport	31	SRR28279267
764	3.173-2016	Typhimurium	19	SRR28279266
765	1.187-2016	Enteritidis	11	SRR28279043
766	1.193-2016	Enteritidis	11	SRR28279042
767	1.198-2016	Enteritidis	11	SRR28279041
768	2.205-2016	Enteritidis	11	SRR28279270
769	1.234-2016	Newport	45	SRR28279040
770	1.240-2016	Newport	45	SRR28279039
771	3.283-2016	Newport	31	SRR28279264
772	3.293-2016	Anatum	2858	SRR28279263
773	3.294-2016	Anatum	2858	SRR28279262
774	1.303-2016	Brandenburg	65	SRR28279038
775	2.318-2016	Enteritidis	11	SRR28279269
776	1.368-2016	Infantis	32	SRR28279037
777	3.371-2016	Senftenberg	14	SRR28279261
778	3.373-2016	Senftenberg	14	SRR28279260
779	3.374-2016	Newport	31	SRR28279259
780	3.375-2016	Newport	31	SRR28279258
781	1.395-2016	Typhimurium	19	SRR28279035
782	1.398-2016	Dublin	10	SRR28279034
783	2.400-2016	Enteritidis	11	SRR28279268
784	1.428-2016	Enteritidis	11	SRR28279033
785	1.429-2016	Dublin	10	SRR28279032
786	1.450-2016	Dublin	10	SRR28279031
787	1.461-2016	Typhimurium	19	SRR28279030
788	1.469-2016	Typhimurium	19	SRR28279029
789	1.471-2016	Corvallis	1541	SRR28279028
790	1.484-2016	Enteritidis	11	SRR28279027
791	4.492-2016	Typhimurium	19	SRR28279257
792	1.500-2016	Enteritidis	11	SRR28279026
793	1.506-2016	Typhimurium	19	SRR28279024
794	1.010-2017	Enteritidis	11	SRR28279044
795	1.565-2016	Dublin	10	SRR28279023
796	1.575-2016	Derby	40	SRR28279022
797	1.595-2016	Kentucky	152	SRR28279272
798	1.596-2016	Kentucky	152	SRR28279271
799	1.119-2017	Typhimurium	19	SRR28279250
800	1.124-2017	Typhimurium	19	SRR28279249
801	1.127-2017	Enteritidis	11	SRR28279248
802	1.181-2017	Corvallis	1541	SRR28279247
803	1.004-2017	Typhimurium	19	SRR28279256
804	1.024-2017	Enteritidis	11	SRR28279255
805	1.043-2017	Typhimurium	19	SRR28279252
806	3.049-2017	Typhimurium	19	SRR28279237
807	3.054-2017	Enteritidis	11	SRR28279641
808	3.055-2017	Enteritidis	11	SRR28279640
809	1.057-2017	Dublin	10	SRR28279251
810	2.066-2017	Corvallis	1541	SRR28279239
811	2.067-2017	Kentucky	152	SRR28279238
812	1.184-2017	Enteritidis	11	SRR28279246
813	1.185-2017	Typhimurium	19	SRR28279245
814	1.191-2017	Corvallis	1541	SRR28279244
815	3.205-2017	Senftenberg	14	SRR28279639
816	6.199-2017	Agona	13	SRR28279613
817	1.207-2017	Enteritidis	11	SRR28279243
818	3.266-2017	Gallinarum	78	SRR28279638
819	1.286-2017	Corvallis	1541	SRR28279241
820	1.293-2017	Corvallis	1541	SRR28279240
821	3.562-2017	Senftenberg	14	SRR28279637
822	3.563-2017	Senftenberg	210	SRR28279635
823	3.564-2017	Cerro	1291	SRR28279634
824	3.565-2017	Typhimurium	19	SRR28279633
825	3.566-2017	Typhimurium	19	SRR28279632
826	3.567-2017	Cerro	1291	SRR28279631

827	3.568-2017	Cerro	1291	SRR28279630
828	3.569-2017	Enteritidis	11	SRR28279629
829	3.570-2017	Enteritidis	11	SRR28279628
830	3.574-2017	Mbandaka	413	SRR28279627
831	3.575-2017	Agona	13	SRR28279626
832	3.579-2017	Havana	1524	SRR28279624
833	3.581-2017	Havana	1524	SRR28279623
834	3.582-2017	Senftenberg	14	SRR28279622
835	3.583-2017	Senftenberg	14	SRR28279621
836	3.584-2017	Senftenberg	14	SRR28279620
837	3.588-2017	Infantis	32	SRR28279619
838	3.592-2017	Gallinarum	78	SRR28279618
839	3.594-2017	Gallinarum	78	SRR28279617
840	3.596-2017	Gallinarum	78	SRR28279615
841	3.595-2017	Gallinarum	78	SRR28279616
842	3.742-2017	Infantis	32	SRR28887178

Anexo 7. Secuenciotipos de *Salmonella enterica* por país de Sudamérica

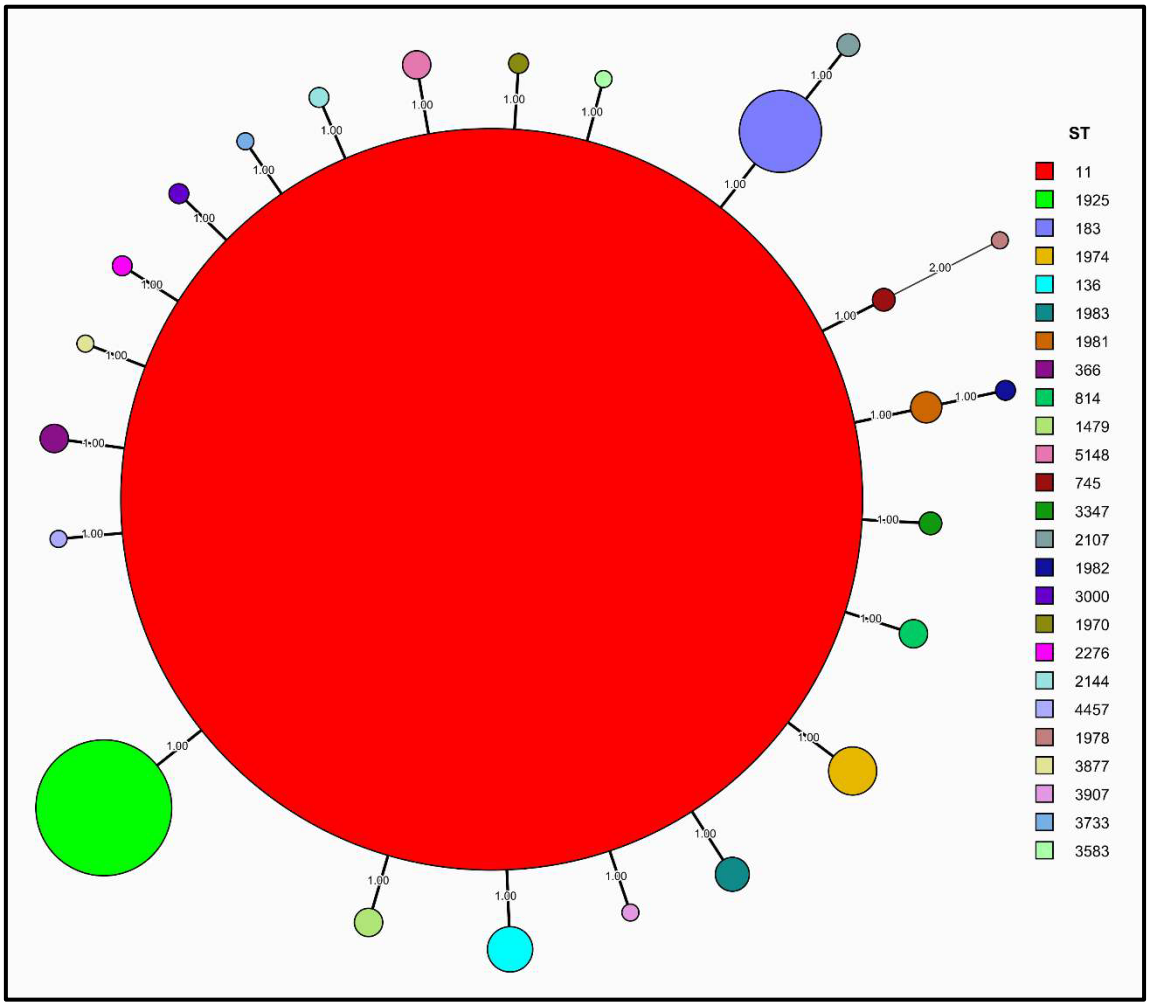
País	Nro de genomas	Nro de secuenciotipos	Secuenciotipos más frecuentes
Brasil	2644	140	ST-11 (Enteritidis), ST-15 (Heidelberg), ST-19 (Typhimurium), ST-32 (Infantis), ST-50 (Saintpaul)
Chile	2461	70	ST-32 (Infantis), ST-19 (Typhimurium), ST-11 (Enteritidis), ST-13 (Agona), ST-31 (Newport)
Peru	1122	40	ST-32 (Infantis), ST-11 (Enteritidis), ST-19 (Typhimurium), ST-31 (Newport), ST-413 (Mbandaka)
Ecuador	585	39	ST-32 (Infantis), ST-19 (Typhimurium), ST-2090 (Amsterdam), ST-684 (Uganda), ST-11 (Enteritidis)
Colombia	207	38	ST-32 (Infantis), ST-28 (Paratyphi B), ST-19 (Typhimurium)
Argentina	139	30	ST-19 (Typhimurium), ST-11 (Enteritidis), ST-15 (Heidelberg)
Venezuela	42	18	ST-15 (Heidelberg)
Guyana	30	15	ST-152 (Kentucky)
Paraguay	29	17	ST-19 (Typhimurium)
Surinam	15	13	ST-684 (Uganda)
Bolivia	13	9	ST-32 (Infantis)
Uruguay	2	1	ST-11 (Enteritidis)
TOTAL	**7289**	**211**	**ST-32 (Infantis), ST-11 (Enteritidis), ST-19 (Typhimurium), ST-15 (Heidelberg), ST-31 (Newport)**

Anexo 8. Frecuencia de secuenciotipos de *Salmonella enterica* a nivel de Sudamérica

Secuenciotipo	Serovar	Nro de genomas	Países de procedencia
ST-32	Infantis	1613	Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Colombia, Ecuador, Guyana, Paraguay, **Perú**, Surinam, Venezuela
ST-11	Enteritidis	917	Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Ecuador, Paraguay, **Perú**, Surinam, Uruguay
ST-19	Typhimurium	824	Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Ecuador, Guyana, Paraguay, **Perú**, Surinam
ST-15	Heidelberg	430	Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Venezuela
ST-31	Newport	181	Argentina, Chile, **Perú**
ST-13	Agona	165	Brasil, Chile, Colombia, Ecuador, Paraguay, **Perú**
ST-14	Senftenberg	141	Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Guyana, **Perú**
ST-50	Saintpaul	122	Argentina, Bolivia, Brasil, Colombia, Ecuador, Guyana, **Perú**
ST-413	Mbandaka	115	Argentina, Brasil, Chile, Ecuador, Paraguay, **Perú**, Venezuela
ST-48	Panama	104	Brasil, Chile, Colombia, **Perú**
ST-99	Typhimurium	100	Argentina, Chile, Ecuador, Paraguay
ST-1541	Corvallis	100	Argentina, Brasil, Chile, Ecuador, **Perú**
Otros (199 ST)	Diversos	2211	Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Colombia, Ecuador, Guyana, Paraguay, **Perú**, Surinam, Venezuela
ND	Diversos	124	Brasil, Chile, Colombia, **Perú**
TOTAL		**7289**	Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Colombia, Ecuador, Guyana, Paraguay, **Perú**, Uruguay, Surinam, Venezuela

ND: No determinado

Anexo 9. Genomas de *S.* Enteritidis por secuenciotipo a nivel mundial.

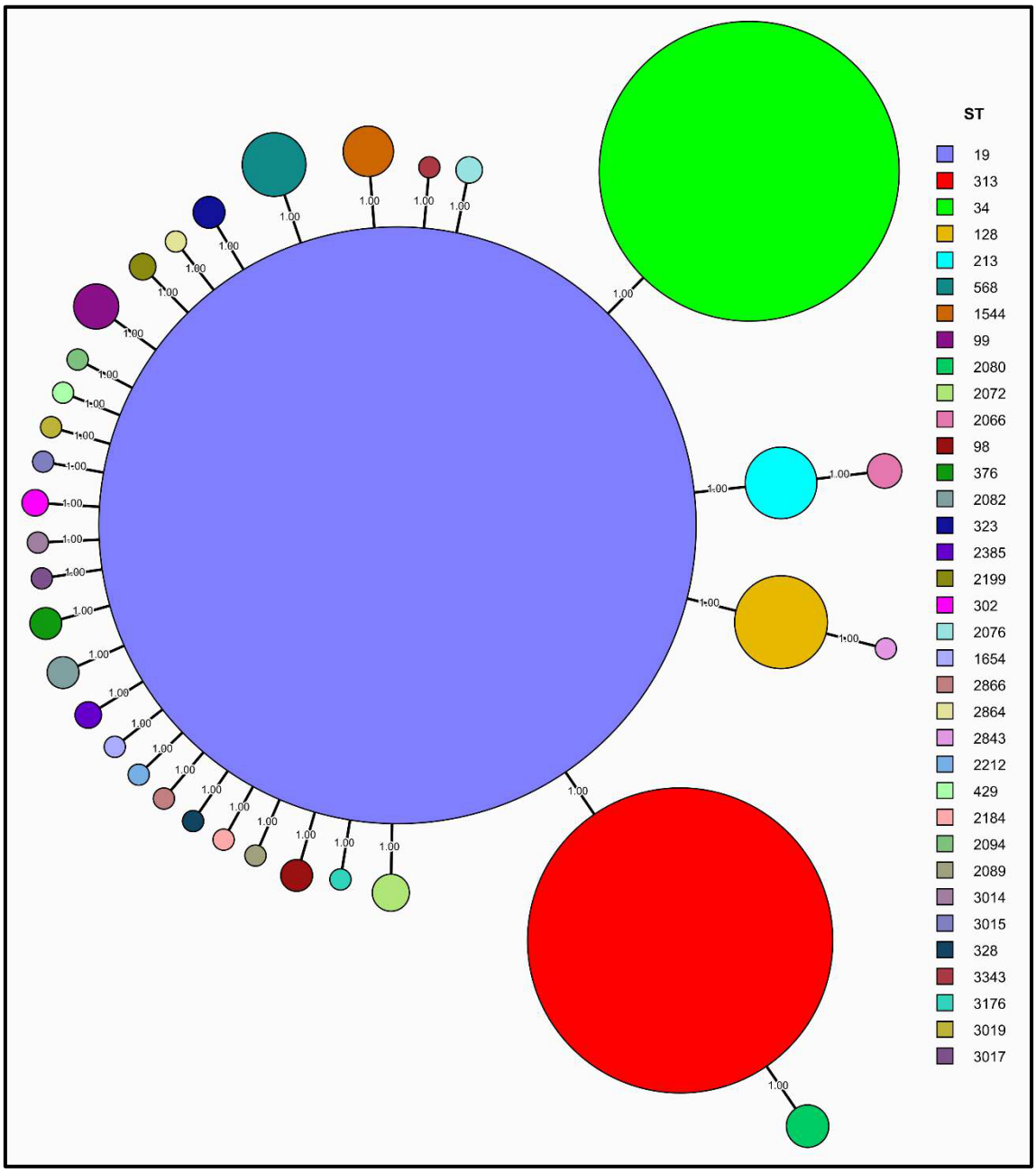


Anexo 10. Genomas de *S.* Enteritidis ST-11 secuenciados a nivel mundial aislados hasta el 2018.

País	Genomas secuenciados
Reino Unido	11617
Estados Unidos	8512
Canadá	3585
Australia	500
Brasil	342
Alemania	308
China	247
Irlanda	214
Sudáfrica	162
Corea del Sur	104
República Democrática del Congo	97
Singapur	90
Chile	78
Malawi	73
Kenia	55
Mali	54
Gambia	48
Líbano	41
Polonia	39
Portugal	38
Túnez	38
Taiwán	32
Bélgica	29
Tanzania	25
Sri Lanka	22
Senegal	14
Argentina	11
Georgia	8
Países Bajos	8
Francia	6
Noruega	6
Tailandia	6
Kuwait	5
Madagascar	5
España	5
Uganda	5
Etiopía	4
Hungría	4
India	4
México	4
Pakistán	4
Suiza	4

Bangladesh	3
Camerún	3
República Centro Africana	3
Indonesia	3
Israel	3
Costa de Marfil	3
Marruecos	3
Turquía	3
Comoras	2
Dinamarca	2
Guinea	2
Mauritania	2
Paraguay	2
Rusia	2
Ruanda	2
Argelia	1
Angola	1
Austria	1
Benín	1
Chad	1
Colombia	1
República Checa	1
Djibouti	1
Ecuador	1
Egipto	1
Honduras	1
Irán	1
Italia	1
Japón	1
Lituania	1
Mozambique	1
Nigeria	1
República del Congo	1
Romania	1
Siria	1
Vietnam	1

Anexo 11. Genomas de *S.* Typhimurium por secuenciotipo a nivel mundial.

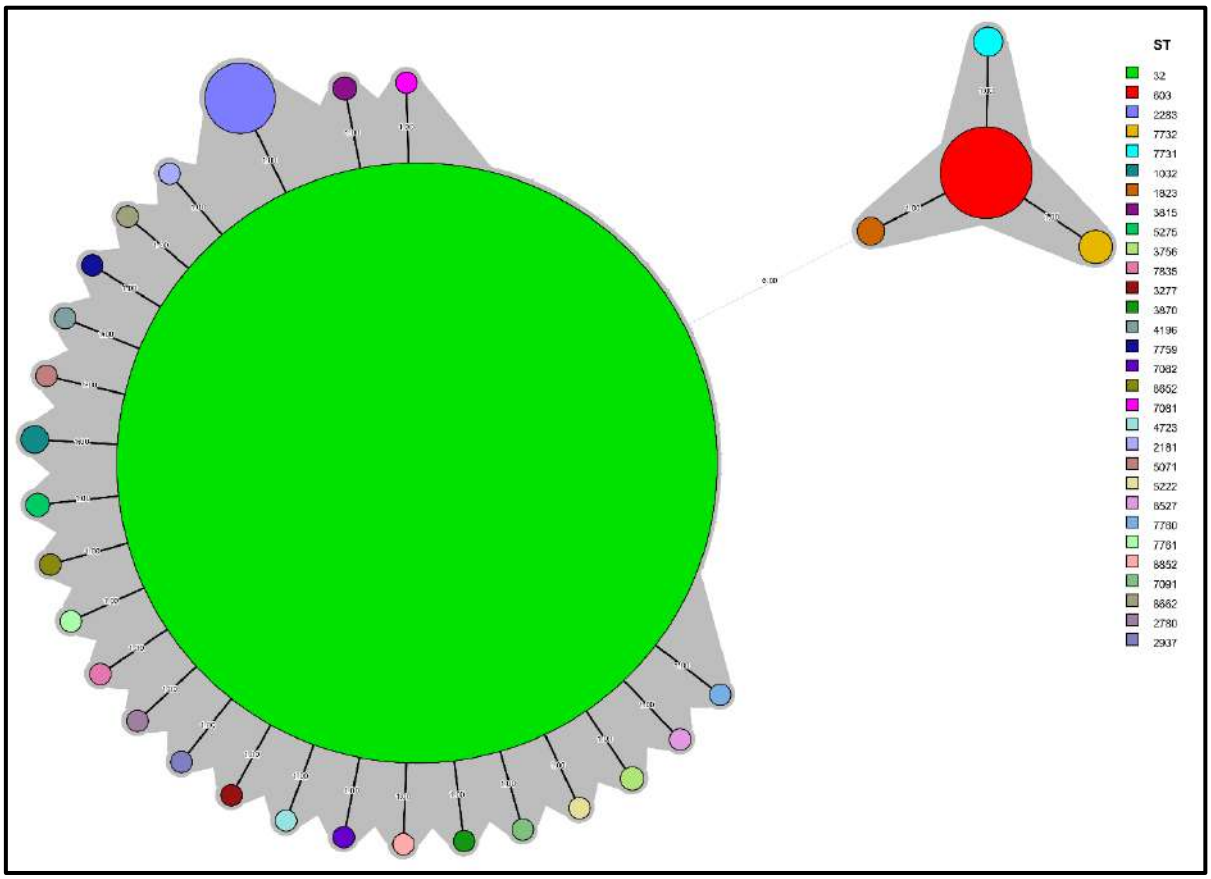


Anexo 12. Genomas de *S.* Typhimurium ST-19 secuenciados a nivel mundial aislados hasta el 2018.

País	Genomas secuenciados
Reino Unido	11617
EE.UU	8512
Canadá	3585
Australia	500
Brasil	342
Alemania	308
Perú	267
Porcelana	247
Irlanda	214
Sudáfrica	162
Corea del Sur	104
República Democrática del Congo	97
Singapur	90
Chile	78
Malaui	73
Kenia	55
Malí	54
Gambia	48
Líbano	41
Polonia	39
Portugal	38
Túnez	38
Taiwán	32
Bélgica	29
Tanzania	25
Sri Lanka	22
Senegal	14
Argentina	11
Georgia	8
Países Bajos	8
Francia	6
Noruega	6
Tailandia	6
Kuwait	5
Madagascar	5
España	5
Uganda	5
Etiopía	4
Hungría	4
India	4
México	4
Pakistán	4

Suecia	4
Bangladesh	3
Camerún	3
República Centroafricana	3
Indonesia	3
Israel	3
Costa de Marfil	3
Marruecos	3
Turquía	3
Comoras	2
Dinamarca	2
Guinea	2
Mauritania	2
Paraguay	2
Rusia	2
Ruanda	2
Argelia	1
Angola	1
Austria	1
Benín	1
Chad	1
Colombia	1
República Checa	1
Yibuti	1
Ecuador	1
Egipto	1
Honduras	1
Irán	1
Italia	1
Japón	1
Lituania	1
Mozambique	1
Nigeria	1
República del Congo	1
Rumania	1
Siria	1
Vietnam	1

Anexo 13. Genomas de *S.* Infantis por secuenciotipo a nivel mundial.

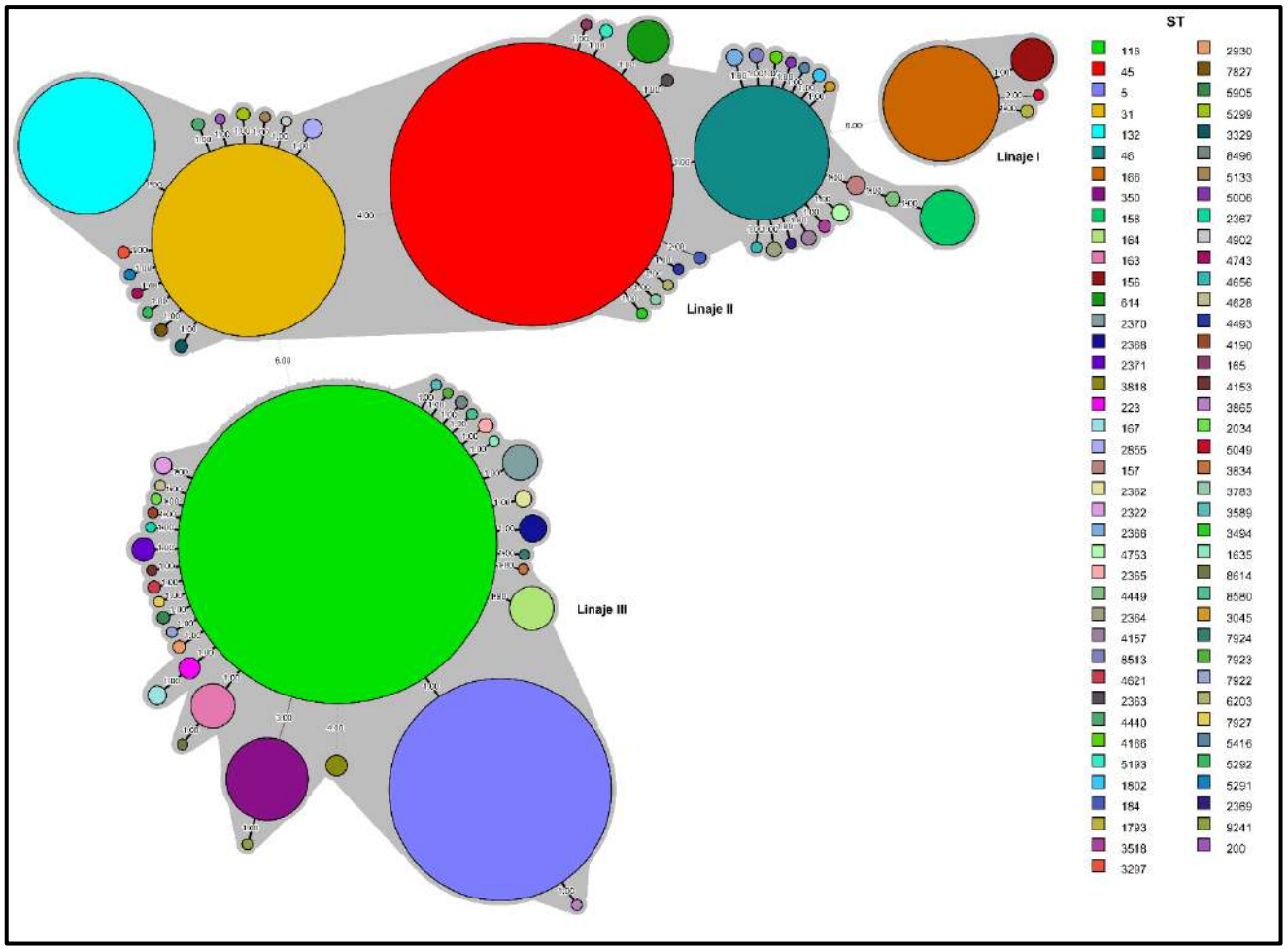


Anexo 14. Genomas de *S.* Infantis ST-32 secuenciados a nivel mundial aislados hasta el 2018.

País	Genomas secuenciados
Estados Unidos	2939
Reino Unido	1228
Canadá	465
Sudáfrica	248
Alemania	141
Brasil	123
Ecuador	108
Eslovenia	105
Chile	88
Japón	65
Hungría	61
Turquía	44
Suiza	30
Australia	29
México	29
Irlanda	26
Italia	24
Colombia	7
Chipre	6
Líbano	6
Portugal	6
Israel	5
China	4
India	4
El Salvador	3
Rumania	3
Rusia	3
Taiwán	3
Vietnam	3
Bolivia	2
Dinamarca	2
Egipto	2
Etiopía	2
Irán	2
Países Bajos	2
Austria	1
Bangladés	1
Bulgaria	1
Costa Rica	1
Croacia	1
República Checa	1
Francia	1

Indonesia	1
Irak	1
Noruega	1
España	1
Tailandia	1
Venezuela	1

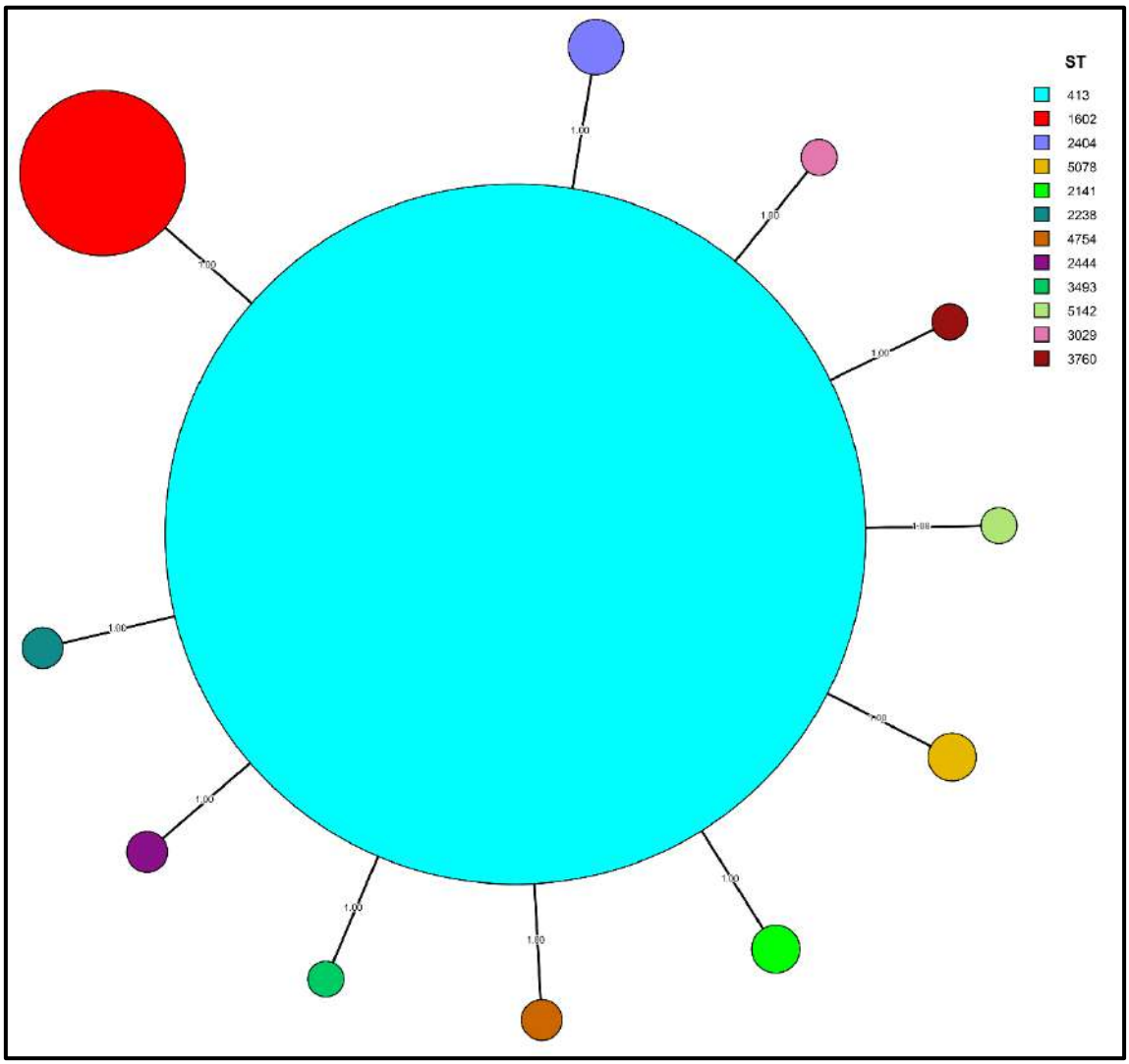
Anexo 15. Genomas de *S.* Newport por secuenciotipo a nivel mundial.



Anexo 16. Genomas de *S.* Newport ST-31 secuenciados a nivel mundial aislados hasta el 2018.

País	Genomas secuenciados
Reino Unido	358
Estados Unidos	55
Canadá	23
India	22
Taiwán	15
Australia	11
Etiopía	9
Vietnam	8
China	6
Bangladés	4
Sri Lanka	4
Malasia	3
Irlanda	2
Argentina	1
Chile	1
Indonesia	1
Kenia	1
Pakistán	1
Filipinas	1

Anexo 17. Genomas de *S.* Mbandaka por secuenciotipo a nivel mundial.



Anexo 18. Genomas de *S.* Mbandaka ST-413 secuenciados a nivel mundial aislados hasta el 2018.

País	Genomas secuenciados
Estados Unidos	838
Reino Unido	213
Alemania	59
México	57
Australia	43
Canadá	33
China	29
India	18
Brasil	9
Taiwán	7
Irlanda	6
Turquía	6
Argentina	3
Dinamarca	2
Egipto	2
Líbano	2
Paraguay	2
Singapur	2
Siria	2
Bangladés	1
Chile	1
El Salvador	1
Guatemala	1
Indonesia	1
Italia	1
Nigeria	1
Venezuela	1
Vietnam	1

Anexo 19. Islas de patogenicidad de *Salmonella enterica* (SPI) detectadas en cepas peruanas por serovariedad

Secuenciotipo	Serovar	SPI-1	SPI-2	SPI-3	SPI-4	SPI-5	SPI-6	SPI-7	SPI-8	SPI-9	SPI-10	SP1-11	SPI-12	SPI-13	SPI-14
ST-10	Dublin	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	-	-	+	+
ST-11	Enteritidis	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	-	-	+	+
ST-13	Agona	+	+	+	-	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-
ST-14	Senftenberg	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-
ST-17	Indiana	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-
ST-19	Typhimurium	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-22	Braenderup	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-23	Oranienburg	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-26	Thompson	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-31	Newport	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+	-	-	+	+
ST-32	Infantis	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-33	Hadar	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-40	Derby	+	+	+	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-
ST-45	Newport	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-48	Panama	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-50	Saintpaul	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-64	Anatum	+	+	+	-	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-65	Brandenburg	+	+	+	-	+	-	-	-	+	-	-	-	+	-
ST-68	Choleraesuis	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	+	+	+	+
ST-78	Gallinarum	+	+	+	-	+	+	-	-	+	+	-	-	-	+
ST-85	Paratyphi A	+	+	+	-	+	-	-	+	+	+	-	-	-	-
ST-86	Paratyphi B	+	+	+	-	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-118	Newport	+	+	+	-	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-126	Sandiego	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-152	Kentucky	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-

ST-174	Oranienburg	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-210	Senftenberg	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-
ST-292	Albany	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-
ST-329	Ohio	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-
ST-413	Mbandaka	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-
ST-457	Livingstone	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-
ST-469	Rissen	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-
ST-582	Kottbus	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-1291	Cerro	+	+	+	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-
ST-1524	Havana	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-
ST-1541	Corvallis	+	+	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-
ST-2293	Dortmund	+	+	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-
ST-2405	Carrau	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-2858	Anatum	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ST-2937	Infantis	+	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+
ND	Breda	+	+	+	-	+	-	-	-	+	-	-	-	+	-
ND	Ohio	+	+	+	-	+	-	-	+	+	-	-	-	+	+
TOTAL		42	42	42	29	41	1	0	10	42	5	1	1	25	24

+: Presencia en más del 95% de las cepas; -: Ausencia en más del 95% de las cepas

Anexo 20. Genes relacionados a la adherencia de *Salmonella enterica* detectadas en cepas peruanas por serovariedad

Secuenciotipo	Serovar	pefD	pefC	pefA	pefB	fimA	fimI	fimC	fimD	fimH	fimF	fimZ	fimY	fimW	lpfE	lpfD	lpfC	lpfB	lpfA	csgB	csgA	csgC	csgD	csgE	csgF	csgG	misL	shdA	ratB	sinH
ST-10	Dublin	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-11	Enteritidis	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+
ST-13	Agona	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-14	Senftenberg	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-17	Indiana	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+
ST-19	Typhimurium	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+
ST-22	Braenderup	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-
ST-23	Oranienburg	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-26	Thompson	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ST-31	Newport	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-32	Infantis	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ST-33	Hadar	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-40	Derby	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-45	Newport	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-48	Panama	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+
ST-50	Saintpaul	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+
ST-64	Anatum	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-65	Brandenburg	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+
ST-68	Choleraesuis	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ST-78	Gallinarum	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-85	Paratyphi A	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	-
ST-86	Paratyphi B	-	-	-	-	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-118	Newport	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

ST-126	Sandiego	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-152	Kentucky	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-174	Oranienburg	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+
ST-210	Senftenberg	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-292	Albany	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-329	Ohio	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-413	Mbandaka	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-457	Livingstone	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-469	Rissen	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-582	Kottbus	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ST-1291	Cerro	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-1524	Havana	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-1541	Corvallis	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-2293	Dortmund	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-
ST-2405	Carrau	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-2858	Anatum	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ST-2937	Infantis	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ND	Breda	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+
ND	Ohio	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+

+: Presencia en más del 95% de las cepas; -: Ausencia en más del 95% de las cepas

Anexo 21. Genes de virulencia de *Salmonella enterica* detectadas en cepas peruanas por serovariedad

Secuenciotipo	Serovar	*spvB*	*rck*	*sodCI*	*mgtB*	*mgtC*	*phoQ*	*phoP*	*rpoS*	*fur*	*pmrB*	*pmrA*	*mig-5*	*mig-14*
ST-10	Dublin	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ST-11	Enteritidis	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ST-13	Agona	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-14	Senftenberg	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-17	Indiana	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-19	Typhimurium	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ST-22	Braenderup	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-23	Oranienburg	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-26	Thompson	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-31	Newport	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ST-32	Infantis	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-33	Hadar	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-40	Derby	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-45	Newport	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-48	Panama	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-50	Saintpaul	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-64	Anatum	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-65	Brandenburg	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-68	Choleraesuis	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ST-78	Gallinarum	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ST-85	Paratyphi A	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-86	Paratyphi B	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-118	Newport	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-126	Sandiego	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-152	Kentucky	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-174	Oranienburg	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+

ST-210	Senftenberg	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-292	Albany	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-329	Ohio	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-413	Mbandaka	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-457	Livingstone	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-469	Rissen	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-582	Kottbus	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-1291	Cerro	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-1524	Havana	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-1541	Corvallis	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-2293	Dortmund	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-2405	Carrau	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-2858	Anatum	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ST-2937	Infantis	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ND	Breda	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+
ND	Ohio	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	+

+: Presencia en más del 95% de las cepas; -: Ausencia en más del 95% de las cepas

Anexo 22. Lista de plásmidos de *Salmonella enterica* detectadas en cepas peruanas por tipo

Tipo de plásmido	Nombre de plásmidos
Col (plásmidos colicinogénicos)	Col156, Col8282, Col(BS512), ColpVC
Inc (plásmidos de incompatibilidad)	IncA/C, IncA/C2, IncHI2, IncHI2A, IncHI1A, IncHI1B(R27), IncI, IncI1, IncI2, IncFIA, IncFIB(K), IncFIB(S), IncFIB(pHCM2), IncFIB(AP001918), IncFII, IncFII(29), IncFII(pECLA), IncFII(S), IncN, IncR, IncU, IncX1, IncX4
Rep (plásmidos de resistencia)	RepA, RepB

Anexo 23. Frecuencia de plásmidos de *Salmonella enterica* detectadas en cepas peruanas

Plásmido	Nro de cepas	Frecuencia (%)
IncFII(S)	454	40.37
RepB	432	38.50
IncFIB(S)	420	37.34
IncX1	118	10.52
IncI1	34	3.03
IncN	18	1.60
IncFIB(AP001918)	14	1.25
IncX4	12	1.07
IncI2	11	0.89
ColpVC	7	0.62
IncI	7	0.62
Col8282	6	0.53
IncFIA	6	0.53
IncA/C2	5	0.45
Col(BS512)	4	0.36
IncHI2	4	0.27
IncHI2A	4	0.27
IncFIB(K)	3	0.27
IncFII(pECLA)	3	0.27
RepA	3	0.27
IncFIB(pHCM2)	2	0.18
IncFII(29)	2	0.18
IncR	2	0.18
Col156	1	0.09
IncA/C	1	0.09
IncHI1A	1	0.09
IncHI1B(R27)	1	0.09
IncFII	1	0.09
IncU	1	0.09

Anexo 24. Lista de genes implicados en la resistencia antimicrobiana de *Salmonella enterica* detectadas en cepas peruanas por familia de antibiótico

Familia de antibióticos	Genes implicados en la resistencia	Proteínas codificantes
Aminoglucósidos	*aac(3)-IIa, aac(3)-Iva, aac(6')-Il*	Aminoglucósido acetiltransferasas
	aadA1, aadA1b, aadA2, aadA22, ant(2'')-Ia, ant(3'')-Ia	Aminoglucósido adeniltranferasas
	aph(3')-Ia, aph(3')-IIa, aph(3'')-Ib, aph(4)-Ia, aph(6)-Id, strA	Aminoglucósido fosfotransferasas
Anfenicoles	*catA1*	Cloranfenicol acetiltransferasa
	floR	Transportador de eflujo de la familia Bcr/CflA
Betalactámicos	*blaSHV-5, blaSHV-12*	Betalactamasas de espectro extendido sulfhidrilo variable
	blaTEM-1A, blaTEM-1B, blaTEM-57, blaTEM-116, blaTEM-176, blaTEM-207	Betalactamasas de espectro extendido de tipo temoniera
	blaCTX-M-9, blaCTX-M-15, blaCTX-M-65, blaCTX-M-98	Betalactamasas de espectro extendido de tipo cefotaximasa
	blaCARB-2	Betalactamasa tipo carbenicilinasa
Diaminopirimidinas	*dfrA1, dfrA5, dfrA12, dfrA14, dfrA15, dfrA16*	Dihidrofolato reductasas
Fluoroquinolonas	*qnrA1, qnrB19, qnrE1, qnrS1, qnrS2, qnrB81*	Proteína de repetición pentapeptídica
Fosfomicina	*fosA3, fosA6, fosA7*	Glutatión transferasa
Lincosamida	*lnuF*	Lincosamida nucleotidiltransferasa
Macrólidos	*ermB*	Subunidad de permeasa del transportador MFS de eflujo de múltiples fármacos EmrB
Polimixinas	*mcr*	Fosfoetanolamina transferasa
Sulfonamidas	*sul1, sul2, sul3*	Dihidropteroato sintasa
Tetraciclinas	*tetA, tetB, tetD, tetG*	Proteína de eflujo de tetraciclina

Anexo 25. Frecuencia de genes y/o mutaciones implicadas en la resistencia antimicrobiana de *Salmonella enterica* detectadas en cepas peruanas

Genes y/o mutaciones cromosómicas	Nro de cepas	Frecuencia (%)
tet(A)	431	38.32
ant(3'')-Ia	422	37.61
gyrA (D87Y)	419	37.34
sul1	411	36.63
dfrA14	399	35.56
aph(3')-Ia	362	32.26
aph(4)-Ia	236	21.03
aac(3)-IVa	234	20.86
blaCTX-M-65	228	20.32
floR	221	19.61
fosA3	172	15.33
qnrB19	42	3.74
gyrA (D87G)	32	2.85
sul2	27	2.32
aph(6)-Id	22	1.87
blaTEM-1B	22	1.87
aac(3)-IIa	16	1.43
gyrA (S83Y)	16	1.43
blaCTX-M-15	15	1.34
aph(3'')-Ib	13	1.16
gyrA (S83F)	11	0.98
dfrA1	11	0.89
strA	8	0.62
blaSHV-12	6	0.53
fosA7	6	0.53
mcr1	6	0.45
sul3	6	0.45
aadA2	5	0.36
aph(3')-IIa	4	0.36
gyrA (D87N)	4	0.36
parC (S80I)	4	0.36
tet(D)	5	0.36
aadA1	4	0.27
blaCTX-M-98	3	0.27
catA1	3	0.27
tetB	3	0.27
aac(6')-Il	2	0.18
aadA1b	2	0.18
blaTEM-1A	2	0.18
dfrA12	3	0.18
fosA6	2	0.18
qnrE1	3	0.18

qnrB81	2	0.18
inu(F)	3	0.18
aadA22	1	0.09
ant(2'')-Ia	1	0.09
blaSHV-5	1	0.09
blaTEM-57	1	0.09
blaTEM-116	1	0.09
blaTEM-176	1	0.09
blaTEM-207	1	0.09
blaCARB-2	1	0.09
blaCTX-M-9	1	0.09
dfrA5	1	0.09
dfrA15	1	0.09
dfrA16	1	0.09
erm(B)	1	0.09
qnrA1	1	0.09
qnrS1	1	0.09
qnrS2	1	0.09
tet(G)	1	0.09

Anexo 26. Frecuencia de profagos de *Salmonella enterica* detectadas en cepas peruanas

Profagos	Nro de cepas	Frecuencia (%)
Phage_Gifsy_2	5	37.70
Yersin_L_413C	1	32.53
Salmon_118970_sal3	98	28.07
Phage_Gifsy_1	2	26.29
Stx2_c_1717	155	21.66
Escher_500465_1	1	19.79
Entero_BP_4795	2	13.81
Salmon_Fels_1	3	13.46
Salmon_RE_2010	1	10.16
Edward_GF_2	54	8.73
Salmon_Fels_2	3	8.11
Salmon_SP_004	4	6.42
Escher_pro483	4	5.70
Entero_mEp234	2	4.81
Entero_UAB_Phi20	4	4.63
Salmon_SEN8	1	1.87
Salmon_SEN34	1	1.69
Salmon_ST64T	1	1.69
Shigel_SfII	1	1.43
Salmon_SW9	1	1.16
Salmon_vB_SosS_Oslo	7	0.98
Salmon_g341c	1	0.71
Salmon_SPN3UB	2	0.71
Entero_Sf101	1	0.62
Salmon_ST160	5	0.62
Salmon_SPN1S	52	0.53
Cronob_ENT39118	1	0.45
Entero_Tyrion	1	0.45
Entero_mEp460	222	0.36
Entero_mEpX1	4	0.36
Entero_P22	1	0.36
Escher_ArgO145	2	0.36
Salmon_UPF_BP1	2	0.36
Shigel_Stx	64	0.36
Entero_fiAA91_ss	1	0.27
Entero_mEp235	2	0.27
Salmon_epsilon15	2	0.27
Shigel_SfIV	1	0.27
Entero_186	1	0.18
Entero_ES18	1	0.18
Entero_Mu	295	0.18
Entero_SfV	423	0.18
Escher_Lys12581Vzw	315	0.18

Escher_phiV10	2	0.18
Escher_vB_EcoM_12474III	3	0.18
Escher_vB_EcoM_Goslar	2	0.18
Salmon_BTP1	151	0.18
Salmon_epsilon34	91	0.18
Salmon_SSU5	8	0.18
Salmon_vB_SemP_Emek	114	0.18
Cronob_ESSI_2	1	0.09
Entero_DE3	19	0.09
Entero_I2_2	21	0.09
Entero_P4	1	0.09
Entero_P88	72	0.09
Entero_phi80	6	0.09
Entero_phiT5282H	8	0.09
Entero_PsP3	2	0.09
Entero_Sfl	7	0.09
Entero_ST104	19	0.09
Entero_YYZ_2008	13	0.09
Erwini_phiEt88	4	0.09
Escher_ECP1	2	0.09
Escher_RCS47	11	0.09
Geobac_E3	16	0.09
Haemop_SuMu	3	0.09
Klebsi_phiKO2	4	0.09
Salmon_SEN1	243	0.09
Salmon_SJ46	1	0.09
Xantho_vB_XveM_DIBBI	365	0.09

Anexo 27. Clasificación COG de las secuencias codificantes de *Salmonella enterica* no tifoidea de acuerdo a sus funciones

Categorías COG	S. Infantis	S. Enteritidis	S. Typhimurium	S. Newport	S. Mbandaka	NTS
Traducción y estructura ribosómica	259	253	254	254	256	255
Procesamiento y modificación de ARN	1	2	2	1	2	2
Transcripción	325	311	317	301	300	311
Replicación, recombinación y reparación	171	147	158	150	153	156
Control del ciclo celular y división celular	60	56	62	57	53	58
Mecanismos de defensa	102	94	98	83	87	93
Transducción de señales	159	153	158	154	157	156
Biogénesis de pared celular/membrana	283	293	304	297	289	293
Motilidad celular	106	102	97	102	106	103
Estructuras extracelulares	15	15	14	16	16	15
Tráfico intracelular, secreción y transporte vesicular	63	61	63	62	59	62
Modificación postraduccional	164	165	171	170	160	166
Mobiloma: profagos, transposones	93	57	75	71	60	71
Producción y conversión de energía	273	265	271	260	265	267
Transporte y metabolismo de carbohidratos	395	386	405	397	378	392
Transporte y metabolismo de aminoácidos.	358	359	354	357	352	356
Transporte y metabolismo de nucleótidos	102	103	103	103	103	103
Transporte y metabolismo de coenzimas	203	205	200	199	200	201
Transporte y metabolismo de lípidos	115	117	113	111	110	113
Transporte y metabolismo de iones inorgánicos	195	189	187	188	187	189
Biosíntesis y catabolismo de metabolitos secundarios	60	57	55	50	54	55

Funciones generales	175	165	172	165	173	170
Función desconocida	167	165	167	163	162	165
Genes no clasificados	826	746	768	818	724	777
Total de CDS	4670	4466	4568	4529	4406	4528

Anexo 28. Genes exclusivos de S. Infantis ST-32

Number	Accession	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len
1	WP_000845900.1	conjugation system SOS inhibitor PsiB	300	300	100%	1.00E-102	100.00%	144
2	WP_000978012.1	hypothetical protein	403	403	100%	1.00E-141	100.00%	198
3	EAA4383048.1	ParB/RepB/Spo0J family partition protein	1405	1405	100%	0	100.00%	682
4	WP_000908226.1	type 4 pilus major pilin	411	411	100%	1.00E-144	100.00%	204
5	WP_001208802.1	type II secretion system F family protein	738	738	100%	0	100.00%	361
6	AYH53368.1	hypothetical protein	636	636	100%	0	100.00%	308
7	WP_001238942.1	conjugal transfer protein TraE	562	562	100%	0	100.00%	274
8	EAM4270332.1	single-stranded DNA-binding protein	358	358	100%	3.00E-124	100.00%	194
9	MDM8996659.1	hypothetical protein	177	177	100%	9.00E-56	100.00%	86
10	EBQ5783170.1	hypothetical protein	553	553	100%	0	100.00%	273
11	WP_001193549.1	A24 family peptidase	429	429	100%	3.00E-151	100.00%	218
12	AXD88558.1	DUF1380 domain-containing protein	293	293	100%	1.00E-99	100.00%	144
13	WP_001545757.1	type 4b pilus protein PilO2	886	886	100%	0	100.00%	431
14	EDA8315773.1	hypothetical protein	136	136	100%	7.00E-40	100.00%	81
15	WP_232795590.1	DUF551 domain-containing protein	367	367	83%	2.00E-126	99.44%	229
16	ECI5768517.1	hypothetical protein	694	694	100%	0	100.00%	1299
17	AEE60021.1	hypothetical protein	171	171	100%	1.00E-51	100.00%	236
18	WP_023242802.1	KilA-N domain-containing protein	350	350	100%	1.00E-121	100.00%	177
19	ADW79606.1	hypothetical protein	182	182	100%	4.00E-57	100.00%	120
20	WP_049885068.1	MFS transporter	909	909	100%	0	100%	462
21	WP_096198493.1	post-segregation killing protein PndC	305	305	100%	2.00E-104	100.00%	154
22	EAA6131489.1	MFS transporter	782	782	100%	0	100.00%	406
23	EKQ8414519.1	adhesin biosynthesis transcription regulatory family protein	220	220	100%	5.00E-72	100.00%	122
24	EQX90098.1	protein impA	300	300	100%	2.00E-102	100.00%	161
25	EAB5818404.1	glycoprotein 3	509	509	100%	0	99.59%	245

26	ETE47436.1	Transposase for insertion sequence element ISRM3	248	248	100%	6.00E-83	100.00%	121
27	EHJ4784363.1	ABC transporter ATP-binding protein	1215	1493	100%	0	100.00%	1196
28	CEI42414.1	hypothetical protein SIN_01162	81.6	81.6	100%	4.00E-19	100.00%	41
29	WP_020833669.1	PhoPQ-activated protein PqaA family protein	1023	1023	100%	0	100.00%	495
30	WP_023994171.1	IS110 family transposase	711	711	100%	0	100.00%	341
31	WP_023994156.1	hypothetical protein	164	164	100%	1.00E-50	100.00%	80
32	WP_262955276.1	FaeA/PapI family transcriptional regulator	89.7	89.7	100%	6.00E-22	100.00%	62
33	WP_020833656.1	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase	543	543	100%	0	100.00%	262
34	EIL5370692.1	recombinase family protein	346	346	100%	1.00E-119	100.00%	175
35	WP_000479642.1	DUF3302 domain-containing protein	249	249	100%	4.00E-83	100.00%	120
36	WP_023994217.1	DNA repair protein RadC	353	353	100%	7.00E-123	100.00%	170
37	WP_023201740.1	MFS transporter	783	783	100%	0	100.00%	400
38	WP_023201739.1	GntR family transcriptional regulator	431	431	100%	6.00E-152	100.00%	229
39	WP_020833657.1	siderophore yersiniabactin receptor FyuA	1380	1380	100%	0	100.00%	673
40	CCR59850.1	hypothetical protein	138	212	91%	3.00E-38	58.33%	169
41	WP_075807433.1	DNA methyltransferase	746	746	100%	0	100.00%	361
42	HAI3446005.1	hypothetical protein	172	172	100%	9.00E-54	98.82%	103
43	WP_023994143.1	fimbrial protein FaeG	556	556	100%	0	100.00%	274
44	WP_020833670.1	alpha/beta hydrolase	597	597	100%	0	100.00%	286
45	WP_020898832.1	hypothetical protein	532	532	100%	0	100.00%	255
46	WP_000850102.1	RpiB/LacA/LacB family sugar-phosphate isomerase	368	368	100%	2.00E-128	100.00%	178
47	WP_001171576.1	STY0301 family protein	287	287	100%	2.00E-97	100.00%	141
48	SQI80031.1	Uncharacterised protein	84	84	100%	5.00E-20	100.00%	39
49	WP_024143068.1	hypothetical protein	175	175	100%	7.00E-55	100.00%	85
50	WP_000954404.1	terminase small subunit	331	331	100%	5.00E-114	100.00%	164
51	ETE47095.1	integrase	141	141	100%	5.00E-42	100.00%	68
52	EIE0187954.1	terminase large subunit	1139	1139	100%	0	99.82%	553
53	WP_223155815.1	hypothetical protein	343	343	100%	9.00E-119	100.00%	168

54	WP_023994181.1	NirD/YgiW/YdeI family stress tolerance protein	246	246	100%	7.00E-82	100.00%	122
55	BBN75581.1	hypothetical protein	84.3	84.3	100%	4.00E-20	93.02%	43
56	AGQ71203.1	hypothetical protein	207	207	100%	5.00E-67	100.00%	100
57	WP_020833654.1	methionine gamma-lyase	820	820	100%	0	100.00%	398
58	WP_000032693.1	glucose 1-dehydrogenase	504	504	100%	7.00E-180	100.00%	250
59	EPI63504.1	hypothetical protein	84.3	84.3	100%	4.00E-20	100.00%	39
60	WP_023993446.1	hypothetical protein	173	173	100%	4.00E-54	100.00%	90
61	WP_000057267.1	ribulose-phosphate 3-epimerase	437	437	100%	1.00E-154	100.00%	214
62	WP_020833663.1	yersiniabactin transcriptional regulator YbtA	666	666	100%	0	100.00%	319
63	WP_001683480.1	PTS sugar transporter subunit IIA	318	318	100%	2.00E-109	100.00%	152
64	AVK73617.1	transposase	310	310	100%	2.00E-106	100.00%	153
65	CZU86589.1	Putative aga operon transcriptional repressor	518	518	100%	0	100.00%	255
66	WP_023993940.1	AAA family ATPase	317	317	100%	4.00E-109	100.00%	150
67	AVV18495.1	HNH endonuclease	360	360	100%	2.00E-125	100.00%	172
68	EAP5619170.1	hypothetical protein	204	204	100%	7.00E-66	100.00%	103
69	WP_000983798.1	hypothetical protein	410	410	100%	3.00E-144	100.00%	197
70	WP_023993955.1	As(III)-sensing metalloregulatory transcriptional repressor ArsR	234	234	100%	3.00E-77	100.00%	116
71	APR89595.1	hypothetical protein	258	258	100%	1.00E-86	100.00%	125
72	WP_023994194.1	yersiniabactin biosynthesis thioesterase YbtT	548	548	100%	0	100.00%	267
73	WP_023202708.1	DUF6088 family protein	414	414	100%	7.00E-146	100.00%	205
74	ASE71567.1	ABC transporter ATP-binding protein	1214	1214	100%	0	100.00%	600
75	MBK0305894.1	IS21 family transposase	159	159	87%	7.00E-49	100.00%	76
76	WP_023994175.1	DEAD/DEAH box helicase	1531	1531	100%	0	100.00%	740
77	WP_023993936.1	DEAD/DEAH box helicase	1510	1510	100%	0	100.00%	732
78	WP_001147175.1	BPSL0067 family protein	280	280	100%	7.00E-95	100.00%	133
79	ECT1754561.1	phage gp6-like head-tail connector protein	706	706	100%	0	99.71%	347
80	WP_001195098.1	DUF1778 domain-containing protein	190	190	100%	2.00E-60	100.00%	94
81	WP_000425557.1	PTS transporter subunit IIC	818	818	100%	0	100.00%	417
82	WP_023242805.1	phage major capsid protein	1313	1313	100%	0	100.00%	644

83	WP_023994189.1	tyrosine-type recombinase/integrase	697	697	100%	0	100.00%	337
84	WP_000628511.1	PTS sugar transporter subunit IIB	195	195	100%	1.00E-62	100.00%	97
85	WP_023993958.1	PTS transporter subunit IIC	917	917	100%	0	100.00%	456
86	EBG0322194.1	phage tail protein	1185	1185	100%	0	100.00%	586
87	WP_020833667.1	yersiniabactin biosynthesis salicylate synthase Irp9/YbtS	920	920	100%	0	100.00%	443
88	WP_223155826.1	Fic/DOC family N-terminal domain-containing protein	620	620	100%	0	100.00%	318
89	WP_000116120.1	6-phospho-3-hexuloisomerase	378	378	100%	5.00E-132	100.00%	186
90	WP_031619585.1	hypothetical protein	154	154	100%	5.00E-47	100.00%	76
91	APR93331.1	integrase	501	501	100%	8.00E-179	100.00%	243
92	WP_023994297.1	IS3 family transposase	351	351	100%	4.00E-122	100.00%	166
93	WP_023994187.1	hypothetical protein	198	198	100%	1.00E-63	100.00%	100
94	WP_187331070.1	RNA-guided endonuclease TnpB family protein	802	802	100%	0	100.00%	402
95	WP_020833666.1	yersiniabactin-associated zinc MFS transporter YbtX	834	834	100%	0	100.00%	426
96	WP_023993245.1	maltose/glucose-specific PTS transporter subunit IIBC	1061	1061	100%	0	100.00%	530
97	EAA0433541.1	hypothetical protein	117	117	100%	6.00E-33	100.00%	55
98	SQI81849.1	Uncharacterised protein	274	274	95%	2.00E-91	87.58%	172
99	WP_023993959.1	PTS galactitol transporter subunit IIA	325	325	100%	3.00E-112	100.00%	159
100	ECE5745342.1	hypothetical protein	112	112	58%	8.00E-30	92.86%	68
101	WP_023994311.1	ParA family protein	724	724	100%	0	100.00%	349
102	WP_023994185.1	Major pilin structural unit bundlin	398	398	100%	9.00E-140	100.00%	194
103	WP_001007886.1	phage head closure protein	231	231	100%	6.00E-76	100.00%	116
104	WP_023993352.1	SIR2 family protein	608	608	100%	0	100.00%	290
105	WP_023994178.1	type II toxin-antitoxin system PemK/MazF family toxin	222	222	100%	7.00E-73	100.00%	110
106	EGC9537257.1	hypothetical protein	144	144	100%	1.00E-42	100.00%	96
107	WP_020833658.1	yersiniabactin biosynthesis salycil-AMP ligase YbtE	1073	1073	100%	0	100.00%	525
108	WP_023994173.1	TerB N-terminal domain-containing protein	1590	1590	100%	0	100.00%	769
109	OLW91385.1	hypothetical protein	314	314	100%	1.00E-107	100.00%	154
110	WP_000004347.1	DUF1983 domain-containing protein	524	524	100%	0	100.00%	257
111	WP_023994167.1	type II toxin-antitoxin system RelE/ParE family toxin	204	204	100%	5.00E-66	100.00%	101

112	EIE1301716.1	hypothetical protein	227	227	100%	1.00E-74	100.00%	112
113	EBA5567248.1	transposase	230	230	100%	9.00E-76	100.00%	112
114	WP_249544357.1	DinI-like family protein	168	168	100%	4.00E-52	100.00%	98
115	EKP7498975.1	relaxase NikB	330	330	77%	7.00E-110	97.58%	364
116	AGQ71223.1	hypothetical protein	262	262	100%	3.00E-88	100.00%	124
117	WP_023993954.1	integrase arm-type DNA-binding domain-containing protein	760	760	100%	0	100.00%	367
118	WP_023993820.1	hypothetical protein	176	176	100%	3.00E-55	100.00%	85
119	MBZ4842548.1	hypothetical protein	152	152	100%	5.00E-46	100.00%	75
120	WP_000364909.1	HlyD family secretion protein	770	770	100%	0	100.00%	378
121	WP_000014005.1	lytic transglycosylase domain-containing protein	384	384	100%	2.00E-134	100.00%	186
122	AGQ71209.1	hypothetical protein	125	125	100%	7.00E-36	100.00%	61
123	EGB81062.1	hypothetical protein	115	115	65%	1.00E-30	75.00%	91
124	WP_020833646.1	DNA-binding protein	725	725	100%	0	100.00%	371
125	WP_000052612.1	outer membrane protein OmpK	516	516	100%	0	100.00%	254
126	WP_000571722.1	head-tail connector protein	218	218	100%	2.00E-71	100.00%	108
127	WP_001096739.1	HNH endonuclease	253	253	100%	1.00E-84	100.00%	121
128	WP_023994193.1	yersiniabactin biosynthesis oxidoreductase YbtU	749	749	100%	0	100.00%	366
129	WP_023994179.1	hypothetical protein	175	175	100%	5.00E-55	100.00%	85
130	WP_023993433.1	glycosyltransferase family 2 protein	1004	1004	100%	0	100.00%	485
131	EIQ7860070.1	tyrosine-type recombinase/integrase	284	284	93%	1.00E-95	100.00%	170
132	WP_217896847.1	hypothetical protein	196	196	57%	1.00E-61	100.00%	96
133	WP_023994183.1	hypothetical protein	95.9	95.9	100%	2.00E-24	100.00%	50
134	AKW13804.1	cysteine hydrolase	400	400	100%	1.00E-140	100.00%	196
135	ETE44405.1	nucleotidyltransferase	739	739	100%	0	100.00%	368
136	EAA0433516.1	hypothetical protein	181	181	100%	4.00E-57	100.00%	95
137	WP_023993427.1	hypothetical protein	156	156	100%	1.00E-47	100.00%	82
138	WP_023994165.1	DUF977 family protein	182	182	100%	2.00E-57	100.00%	87
139	WP_223155813.1	hypothetical protein	748	748	100%	0	100.00%	361
140	WP_000723161.1	PTS sugar transporter subunit IIB	189	189	100%	5.00E-60	100.00%	94

141	AZR14476.1	hypothetical protein	175	175	100%	7.00E-55	100.00%	88
142	WP_031619580.1	damage-inducible protein J	191	191	100%	9.00E-61	100.00%	95
143	WP_023994169.1	hypothetical protein	229	229	100%	2.00E-75	100.00%	109
144	APR93174.1	hypothetical protein	298	298	100%	9.00E-102	99.31%	158
145	WP_000267319.1	phage portal protein	943	943	100%	0	100.00%	451
146	EHW4029716.1	arylsulfatase	110	110	100%	3.00E-30	100.00%	70
147	EAS9133368.1	recombinase XerD	240	240	100%	9.00E-80	99.13%	118
148	WP_001123709.1	sugar-binding domain-containing protein	658	658	100%	0	100.00%	321
149	EBL1367516.1	ATPase	1609	1609	100%	0	99.87%	775
150	WP_023994162.1	GNAT family N-acetyltransferase	338	338	100%	6.00E-117	100.00%	160
151	WP_023994535.1	DUF4376 domain-containing protein	428	428	100%	2.00E-151	100.00%	204
152	WP_000984209.1	ogr/Delta-like zinc finger family protein	164	164	100%	6.00E-51	100.00%	80
153	WP_001271997.1	conjugal transfer protein TraO	880	880	100%	0	100.00%	429
154	WP_001164788.1	IncI1-type conjugal transfer protein TraT	552	552	100%	0	100.00%	266
155	WP_000086961.1	IncI1-type conjugal transfer protein TraR	261	261	100%	1.00E-87	100.00%	134
156	WP_000337400.1	IncI1-type conjugal transfer protein TraV	418	418	100%	3.00E-147	100.00%	204
157	WP_001077024.1	DUF4942 domain-containing protein	587	587	100%	0	100.00%	282
158	WP_000151577.1	IncI1-type conjugal transfer protein TrbB	737	737	100%	0	100.00%	356
159	WP_176560747.1	DotA/TraY family protein	892	892	100%	0	100.00%	442
160	WP_000976348.1	conjugal transfer protein TraF	808	808	100%	0	100.00%	400
161	WP_001289276.1	F-type conjugative transfer protein TrbC	1588	1588	100%	0	100.00%	763
162	WP_001037987.1	IncI1-type conjugal transfer protein TraX	398	398	100%	8.00E-140	100.00%	194
163	AUF79955.1	trbA	832	832	100%	0	100.00%	436
164	WP_001191878.1	IncI1-type conjugal transfer protein TraN	658	658	100%	0	100.00%	327
165	WP_000977522.1	histidine phosphatase family protein	404	404	100%	6.00E-142	100.00%	194
166	WP_000801920.1	IncI1-type conjugal transfer protein TraP	479	479	100%	1.00E-170	100.00%	234
167	WP_001024972.1	plasmid transfer ATPase TraJ	782	782	100%	0	100.00%	382
168	EJY3379161.1	TraS protein	132	132	100%	1.00E-38	100.00%	73
169	WP_318089338.1	GNAT family N-acetyltransferase	343	343	100%	2.00E-118	100.00%	192

170	ECT2309334.1	yersiniabactin non-ribosomal peptide synthetase HMWP2	2159	2159	100%	0	100.00%	1469
171	WP_000748143.1	PilN family type IVB pilus formation outer membrane protein	1144	1144	100%	0	100.00%	560
172	WP_000014584.1	phospholipase D family protein	379	379	100%	2.00E-132	100.00%	183
173	WP_001299214.1	hypothetical protein	196	196	100%	4.00E-63	100.00%	96
174	WP_001330804.1	hypothetical protein	402	402	100%	5.00E-141	100.00%	197
175	WP_023994105.1	hypothetical protein	176	176	100%	3.00E-55	100.00%	86
176	WP_000157095.1	molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobC	220	220	100%	7.00E-72	100.00%	111
177	WP_000213859.1	conjugal transfer protein TraC	466	466	100%	2.00E-165	100.00%	227
178	WP_001055900.1	conjugal transfer protein	235	235	100%	1.00E-77	100.00%	115
179	WP_001360287.1	type IV pilus biogenesis lipoprotein PilL	717	717	100%	0	100.00%	355
180	WP_000138552.1	DotI/IcmL family type IV secretion protein	480	480	100%	5.00E-171	100.00%	230
181	WP_000074849.1	conjugal transfer protein TraA	197	197	100%	4.00E-63	100.00%	95
182	WP_329799389.1	hypothetical protein	184	184	100%	2.00E-58	100.00%	104
183	WP_250908388.1	PilI type IV pilus biogenesis protein	177	177	100%	3.00E-55	100.00%	115
184	EFN6592577.1	IncI1-type conjugal transfer protein TraW	817	817	100%	0	99.75%	400
185	WP_001306770.1	transcription termination/antitermination NusG family protein	367	367	100%	7.00E-128	100.00%	177
186	AEE59929.1	IncI1 conjugal transfer protein TraQ	343	343	100%	9.00E-119	100.00%	176
187	WP_000646097.1	IncI1-type conjugal transfer lipoprotein TraI	550	550	100%	0	100.00%	272
188	WP_001079808.1	IncI1-type conjugal transfer lipoprotein TraH	319	319	100%	1.00E-109	100.00%	152
189	HAY4382542.1	DNA primase	2139	2139	100%	0	100.00%	1104
190	WP_015059947.1	hypothetical protein	121	121	100%	4.00E-34	100.00%	93
191	WP_063118132.1	ATPase, T2SS/T4P/T4SS family	1062	1062	100%	0	99.81%	517
192	WP_001024780.1	IncI1-type conjugal transfer protein TraU	2102	2102	100%	0	100.00%	1014
193	WP_284977429.1	hypothetical protein	81.6	81.6	100%	1.00E-18	100.00%	74
194	EDL4313370.1	yersiniabactin polyketide synthase HMWP1	2147	2147	100%	0	100.00%	1166
195	QGW61013.1	AadA1	522	522	100%	0	100.00%	335
196	KMG57351.1	integrase/recombinase	683	683	100%	0	100.00%	339
197	WP_023994153.1	helix-turn-helix domain-containing protein	167	167	100%	4.00E-52	100.00%	83
198	WP_023994174.1	ATP-binding protein	902	902	100%	0	100.00%	438

199	WP_001299212.1	IncI1-type relaxase NikB	1873	1873	100%	0	100.00%	899
200	WP_001283947.1	IncI1-type relaxosome accessory protein NikA	222	222	100%	7.00E-73	100.00%	110
201	WP_023994155.1	Rpn family recombination-promoting nuclease/putative transposase	662	662	100%	0	100.00%	318
202	EJF4446494.1	hypothetical protein	226	226	100%	2.00E-74	99.11%	112
203	WP_023993442.1	HNH endonuclease	478	478	100%	2.00E-170	100.00%	230
204	KJT47584.1	putative fimbrial protein TcfD	728	728	100%	0	100.00%	366
205	ESF85323.1	hypothetical protein	527	527	100%	0	100.00%	252
206	WP_023993443.1	ParB/RepB/Spo0J family partition protein	281	281	100%	2.00E-95	100.00%	133
207	EDM6713360.1	DNA transfer protein	1275	1275	100%	0	99.84%	630
208	WP_058649970.1	replication protein	422	422	100%	1.00E-148	100.00%	210
209	OMJ34903.1	hypothetical protein	97.4	97.4	100%	6.00E-25	100.00%	63
210	WP_000988636.1	head completion/stabilization protein	343	343	100%	5.00E-119	100.00%	169
211	WP_023993683.1	Rz-like lysis system protein LysB	286	286	100%	4.00E-97	100.00%	141
212	WP_000978896.1	phage tail protein	323	323	100%	5.00E-111	100.00%	159
213	WP_023993684.1	DNZ54_00345 family protein	275	275	100%	9.00E-93	100.00%	141
214	WP_000203461.1	terminase endonuclease subunit	496	496	100%	6.00E-177	100.00%	247
215	WFG40939.1	hypothetical protein	75.1	75.1	100%	1.00E-16	100.00%	37
216	MDI5563490.1	hypothetical protein	161	161	100%	1.00E-49	100.00%	88
217	APR93098.1	DDE endonuclease	723	723	97%	0	100.00%	345
218	SUE55353.1	Uncharacterised protein	112	112	100%	8.00E-31	100.00%	54
219	WP_001185533.1	hypothetical protein	328	328	100%	2.00E-113	100.00%	156
220	EAM1725229.1	type II secretion system protein	321	321	100%	2.00E-110	100.00%	156
221	WP_020833650.1	aminoglycoside phosphotransferase family protein	568	568	100%	0	100.00%	275
222	EHA7036259.1	hypothetical protein	2180	2180	100%	0	100.00%	1223
223	ETE47373.1	transposase IS200-family protein	234	234	100%	3.00E-77	100.00%	143
224	ETE47339.1	VetSC	341	341	100%	3.00E-118	100.00%	165
225	WP_223155837.1	DNA cytosine methyltransferase	950	950	100%	0	100.00%	470
226	WP_000924596.1	hypothetical protein	280	280	100%	8.00E-95	100.00%	133
227	WP_001604633.1	integrase domain-containing protein	815	815	100%	0	100.00%	398

228	WP_023994210.1	plasmid-partitioning protein SopA	805	805	100%	0	100.00%	388
229	HED9564004.1	transposase	248	248	100%	1.00E-81	92.37%	182
230	WP_253075085.1	hypothetical protein	182	182	100%	1.00E-57	100.00%	97
231	WP_023227822.1	LysE family translocator	415	415	100%	1.00E-145	100.00%	213
232	AIK95212.1	transposase	202	202	100%	2.00E-65	100.00%	96
233	EBO1286324.1	DUF1202 family protein	679	679	100%	0	100.00%	347
234	WP_000196508.1	hypothetical protein	164	164	100%	7.00E-51	100.00%	80
235	WP_023993436.1	hypothetical protein	192	192	100%	3.00E-61	100.00%	93
236	WP_223155838.1	SinI family restriction endonuclease	472	472	100%	1.00E-167	100.00%	244
237	ELG5748241.1	hypothetical protein	1545	1545	100%	0	99.87%	743
238	WP_001604631.1	hypothetical protein	955	955	100%	0	100.00%	469
239	APR93180.1	dicarboxylate transporter/tellurite-resistance protein TehA	717	717	100%	0	100.00%	357
240	WP_023994202.1	lytic transglycosylase domain-containing protein	291	291	100%	3.00E-99	100.00%	142
241	WP_023994225.1	helix-turn-helix transcriptional regulator	204	204	100%	4.00E-66	100.00%	102
242	ETE47336.1	IS21 ORF1	277	277	100%	6.00E-94	100.00%	131
243	WP_001047569.1	antitermination protein	536	536	100%	0	100.00%	259
244	WP_001627708.1	AraC family transcriptional regulator	555	555	100%	0	100.00%	271
245	AVU73040.1	hypothetical protein	156	156	100%	7.00E-48	100.00%	74
246	WP_023993437.1	DUF4752 family protein	182	182	100%	1.00E-57	100.00%	90
247	WP_031619587.1	A24 family peptidase	505	505	100%	4.00E-180	100.00%	252
248	WP_023993435.1	YbcN family protein	294	294	100%	3.00E-100	100.00%	140
249	EFN7538646.1	hypothetical protein	77	77	76%	3.00E-16	64.62%	80
250	ETE47338.1	transposase of ISEc21	202	202	100%	2.00E-65	100.00%	98
251	WP_023994209.1	RepB family plasmid replication initiator protein	696	696	100%	0	100.00%	336
252	WP_020833652.1	sigma 54-interacting transcriptional regulator	833	833	100%	0	100.00%	404
253	VTP13889.1	hypothetical protein	132	132	86%	4.00E-37	78.05%	123
254	WP_023994211.1	ParB/RepB/Spo0J family plasmid partition protein	655	655	100%	0	100.00%	319
255	WP_023994205.1	KUP/HAK/KT family potassium transporter	1269	1269	100%	0	100.00%	626
256	ETE47324.1	hypothetical protein	608	608	90%	0	100.00%	297

257	ADL14074.1	TetR	456	456	100%	2.00E-161	100.00%	226
258	MCD9662614.1	tetracycline efflux MFS transporter Tet(A)	784	784	100%	0	99.75%	399
259	AUH18085.1	putative inner membrane transporter YedA	556	556	100%	0	100.00%	318
260	AOZ86963.1	IS6 family transposase	489	489	100%	3.00E-174	100.00%	248
261	OKV20945.1	transposase	563	563	100%	0	100.00%	521
262	CEI45822.1	Integrase	611	611	100%	0	100.00%	296
263	WP_023994022.1	IS110 family transposase	672	672	100%	0	100.00%	328

Anexo 29. Genes exclusivos de S. Enteritidis ST-11

Number	Accession	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len
1	WP_000400616.1	acyltransferase family protein	1289	1289	100%	0	100.00%	640
2	WP_218673109.1	hypothetical protein	155	155	100%	1.00E-47	100.00%	80
3	WP_074437810.1	N-6 DNA methylase	850	850	100%	0	100.00%	417
4	WP_000927251.1	head-tail connector protein	217	217	100%	9.00E-71	100.00%	107
5	EAY2253652.1	hypothetical protein	268	268	100%	4.00E-90	100.00%	131
6	AHO02406.1	hypothetical protein	419	419	100%	1.00E-147	100.00%	213
7	WP_000556502.1	autotransporter adhesin EhaB	1974	1974	100%	0	100.00%	1004
8	WP_001679247.1	SEF14 fimbria major subunit SefA	326	326	100%	4.00E-112	100.00%	165
9	WP_000560208.1	cell division protein FtsZ	156	156	100%	8.00E-48	100.00%	73
10	HAW6536745.1	TPA: hypothetical protein	509	509	100%	0	100.00%	299
11	AIN68390.1	hypothetical protein	310	310	100%	2.00E-106	100.00%	146
12	ELN27596.1	IS1230 transposase	360	360	100%	4.00E-125	99.44%	177
13	WP_000735917.1	hypothetical protein	530	530	100%	0	100.00%	263
14	WP_000974636.1	nuclease-related domain-containing DEAD/DEAH box helicase	1281	1281	100%	0	100.00%	613
15	WP_001059614.1	hypothetical protein	183	183	100%	5.00E-58	100.00%	89
16	EGE33672.1	YCII-related domain-containing protein	199	199	100%	4.00E-64	100.00%	101
17	WP_000274547.1	hypothetical protein	416	416	100%	2.00E-146	100.00%	209
18	WP_000127618.1	DUF2514 domain-containing protein	357	357	100%	4.00E-124	100.00%	179
19	WP_223156944.1	hypothetical protein	644	644	100%	0	100.00%	313
20	WP_000590999.1	hypothetical protein	320	320	100%	6.00E-110	100.00%	156
21	WP_001055725.1	hypothetical protein	92.4	92.4	100%	3.00E-23	100.00%	44
22	EGW6441043.1	hypothetical protein	279	279	100%	2.00E-94	100.00%	144
23	WP_001047141.1	antitermination protein	525	525	100%	0	100.00%	250
24	HDH7893968.1	TPA: hypothetical protein	201	201	100%	1.00E-64	100.00%	112
25	EIE6417685.1	phage tail protein	123	123	100%	4.00E-35	100.00%	65
26	WP_001095779.1	replication/maintenance protein RepL	503	503	100%	1.00E-179	100.00%	244

27	WP_000766103.1	phage major capsid protein	840	840	100%	0	100.00%	409
28	WP_000765639.1	hypothetical protein	383	383	100%	9.00E-134	100.00%	190
29	WP_001237395.1	alkyl sulfatase dimerization domain-containing protein	1356	1356	100%	0	100.00%	659
30	WP_000243508.1	type 4 pilus major pilin	360	360	100%	6.00E-125	100.00%	185
31	AVB05840.1	L-idonate 5-dehydrogenase (NAD(P)(+))	766	766	100%	0	100.00%	370
32	WP_001284963.1	Hcp family type VI secretion system effector	331	331	100%	2.00E-114	100.00%	159
33	WP_001084817.1	hypothetical protein	320	320	100%	1.00E-109	100.00%	165
34	WP_000076067.1	type VI secretion system ImpA and VasL domain-containing protein	948	948	100%	0	100.00%	463
35	WP_001091329.1	hypothetical protein	201	201	100%	8.00E-65	100.00%	98
36	WP_000208076.1	DUF551 domain-containing protein	601	601	100%	0	100.00%	287
37	AHU92586.1	membrane protein	373	373	100%	4.00E-130	100.00%	188
38	WP_000838395.1	hypothetical protein	96.7	96.7	100%	1.00E-24	100.00%	52
39	WP_001075993.1	glycoside hydrolase family 19 protein	427	427	100%	1.00E-150	100.00%	205
40	WP_000729406.1	hypothetical protein	428	428	100%	5.00E-151	100.00%	208
41	AVB05287.1	hypothetical protein	80.9	80.9	100%	9.00E-19	100.00%	39
42	UFE15757.1	hypothetical protein	85.9	85.9	100%	2.00E-20	100.00%	68
43	EBP1645652.1	glycosyltransferase	166	166	100%	1.00E-51	100.00%	86
44	WP_000054227.1	PerC family transcriptional regulator	319	319	100%	8.00E-110	100.00%	157
45	CAR32973.1	putative prophage membrane protein	183	183	100%	7.00E-58	100.00%	95
46	ECN3695632.1	outer membrane fimbrial usher protein SefC	1667	1667	100%	0	99.88%	814
47	CAR33521.1	phage portal protein	849	849	100%	0	100.00%	416
48	EEP7639875.1	hypothetical protein	113	113	100%	4.00E-31	100.00%	65
49	EPI63046.1	hypothetical protein	178	178	100%	5.00E-56	100.00%	101
50	WP_000028416.1	toll/interleukin-1 receptor domain-containing protein	595	595	100%	0	100.00%	293
51	EIV0941698.1	sel1 repeat family protein	208	208	100%	4.00E-67	98.99%	127
52	WAQ79478.1	hypothetical protein	207	207	100%	3.00E-66	100.00%	175
53	WP_001574179.1	hypothetical protein	263	263	100%	2.00E-88	100.00%	125
54	WP_001077813.1	SEF18 fimbria major subunit SefD	300	300	100%	2.00E-102	100.00%	148
55	WP_000784710.1	recombination protein NinG	152	152	100%	2.00E-46	100.00%	75

56	WP_000880618.1	hypothetical protein	148	148	100%	1.00E-44	100.00%	72
57	EAA8309472.1	bssS family protein	170	170	100%	5.00E-53	98.80%	83
58	WP_231273946.1	hypothetical protein	194	194	100%	4.00E-62	100.00%	109
59	KSA94003.1	phage tail protein	469	469	100%	1.00E-166	99.56%	228
60	WP_000157764.1	diol dehydratase reactivase ATPase-like domain-containing protein	243	243	100%	1.00E-80	100.00%	122
61	WP_000042271.1	hypothetical protein	161	161	100%	2.00E-49	100.00%	83
62	AGS65988.1	recombinase	110	110	100%	3.00E-30	100.00%	52
63	WP_000863534.1	type I restriction-modification protein specificity subunit	894	894	100%	0	100.00%	434
64	ELN90127.1	hexonate sugar transport protein	920	920	100%	0	100.00%	737
65	CAR35843.1	putative Type I restriction-modification system methyltransferase	387	387	100%	1.00E-135	100.00%	192
66	WP_001083598.1	helix-turn-helix transcriptional regulator	657	657	100%	0	100.00%	319
67	ECX0754642.1	type IV secretion protein Rhs	293	293	100%	1.00E-99	99.32%	148
68	WP_001713572.1	HsdR family type I site-specific deoxyribonuclease	2168	2168	100%	0	100.00%	1088
69	WP_000697758.1	CDP-paratose synthase	562	562	100%	0	100.00%	279
70	WP_000501481.1	phage terminase small subunit P27 family	295	295	100%	1.00E-100	100.00%	145
71	KOX83289.1	Restriction endonuclease	227	227	100%	1.00E-74	100.00%	112
72	WP_000800272.1	hypothetical protein	216	216	100%	1.00E-70	100.00%	105
73	WP_000445376.1	DUF3800 domain-containing protein	559	559	100%	0	100.00%	267
74	WP_000166861.1	DUF6387 family protein	601	601	100%	0	100.00%	291
75	WP_001227859.1	helix-turn-helix domain-containing protein	317	317	100%	6.00E-109	100.00%	155
76	EGE33835.1	Putative phage protein	209	209	100%	7.00E-68	100.00%	102
77	WP_000096529.1	conserved phage C-terminal domain-containing protein	676	676	100%	0	100.00%	324
78	EEM2340161.1	prepilin-type N-terminal cleavage/methylation domain-containing protein	1220	1220	100%	0	100.00%	599
79	WP_000964102.1	MobQ family relaxase	1055	1055	100%	0	100.00%	506
80	WP_000102010.1	nucleotidyltransferase	879	879	100%	0	100.00%	423
81	WP_000344965.1	protein YdfB	62.4	62.4	100%	2.00E-11	84.21%	42
82	AIN70278.1	hypothetical protein	105	105	100%	1.00E-26	100.00%	29
83	EDV9643151.1	hypothetical protein	191	191	100%	4.00E-61	100.00%	98
84	ACH76102.1	hypothetical protein	110	110	100%	3.00E-30	100.00%	53

85	EIE8556409.1	CDP-paratose 2-epimerase	705	705	100%	0	99.70%	338
86	WP_000276246.1	class I SAM-dependent methyltransferase	1108	1108	100%	0	100.00%	536
87	WP_000125686.1	SDR family oxidoreductase	519	519	100%	0	100.00%	255
88	WP_001680077.1	integrase arm-type DNA-binding domain-containing protein	884	884	100%	0	100.00%	424
89	WP_000556390.1	hypothetical protein	624	624	100%	0	100.00%	310
90	AVB06273.1	hypothetical protein	480	480	100%	5.00E-171	100.00%	232
91	WP_000161704.1	SPI-1 type III secretion system guanine nucleotide exchange factor SopE	496	496	100%	7.00E-177	100.00%	240
92	WP_000774470.1	DUF1364 domain-containing protein	202	202	100%	2.00E-65	100.00%	96
93	WP_000368357.1	conjugal transfer protein TraD	202	202	100%	5.00E-65	100.00%	101
94	WP_249894868.1	MATE family efflux transporter	838	838	100%	0	99.77%	432
95	WP_001676916.1	DUF977 family protein	229	229	100%	2.00E-75	100.00%	109
96	WP_000976814.1	alanine racemase	749	749	100%	0	100.00%	368
97	ECU3891580.1	hypothetical protein	304	304	100%	6.00E-104	100.00%	157
98	AVB05302.1	hypothetical protein	123	123	100%	3.00E-35	100.00%	58
99	WP_000240779.1	AlpA family transcriptional regulator	144	144	100%	4.00E-43	100.00%	72
100	EHI9315325.1	hypothetical protein	181	181	100%	1.00E-56	100.00%	136
101	EJI2445480.1	histidine biosynthesis protein	566	566	100%	0	99.64%	279
102	WP_233668320.1	hypothetical protein	190	190	100%	1.00E-60	100.00%	93
103	WP_001676217.1	SEF14/SEF18 fimbria chaperone SefB	497	497	100%	4.00E-177	100.00%	246
104	WP_001287371.1	H-NS family nucleoid-associated regulatory protein	267	267	100%	8.00E-90	100.00%	134
105	AHO01879.1	hypothetical protein	278	278	100%	3.00E-94	100.00%	133
106	WP_000399004.1	hypothetical protein	658	658	100%	0	100.00%	320
107	AHU92018.1	membrane protein	352	352	100%	4.00E-122	100.00%	178
108	AHS41390.2	transposase	343	343	100%	5.00E-119	99.40%	166
109	WP_000734572.1	hypothetical protein	261	261	100%	6.00E-88	100.00%	125
110	HEH8806512.1	TPA: PTS sugar transporter	1052	1052	100%	0	99.81%	529
111	WP_000802786.1	glycosyl hydrolase 108 family protein	372	372	100%	5.00E-130	100.00%	181
112	AHU91647.1	type VI secretion protein IcmF	1722	1722	100%	0	100.00%	848
113	EMR51198.1	Cof-like hydrolase	598	598	100%	0	100.00%	296

114	WP_000623373.1	lysozyme inhibitor LprI family protein	315	315	100%	4.00E-108	100.00%	152
115	WP_001227393.1	hypothetical protein	250	250	100%	2.00E-83	100.00%	123
116	WP_000191143.1	putative mucin/carbohydrate-binding domain-containing protein	2106	2106	100%	0	100.00%	1010
117	WP_000226304.1	phage holin family protein	184	184	100%	4.00E-58	100.00%	93
118	WP_001068171.1	DeoR/GlpR family DNA-binding transcription regulator	517	517	100%	0	100.00%	252
119	WP_000748204.1	fimbrial protein	341	341	100%	8.00E-118	100.00%	174
120	WP_000023781.1	FadR/GntR family transcriptional regulator	494	494	100%	3.00E-176	100.00%	239
121	WP_001226498.1	hypothetical protein	258	258	100%	1.00E-86	100.00%	128
122	WP_001033796.1	hypothetical protein	372	372	100%	1.00E-129	100.00%	184
123	CAR33562.1	hypothetical protein	580	580	100%	0	100.00%	304
124	WP_001294874.1	phage holin family protein	251	251	100%	2.00E-83	100.00%	129
125	WP_000085742.1	hypothetical protein	384	384	100%	2.00E-134	100.00%	192
126	WP_140439253.1	hypothetical protein	179	179	100%	3.00E-56	98.85%	117
127	WP_000914537.1	AraC family transcriptional regulator	547	547	100%	0	100.00%	271
128	WP_000609327.1	serine hydroxymethyltransferase	852	852	100%	0	100.00%	412
129	EEF4386671.1	recombination-associated protein RdgC	623	623	100%	0	99.67%	305
130	WP_000200166.1	Dam family site-specific DNA-(adenine-N6)-methyltransferase	613	613	100%	0	100.00%	293
131	AHU92568.1	hypothetical protein	415	415	100%	4.00E-146	100.00%	202
132	ELN82629.1	hypothetical protein	220	220	100%	6.00E-72	100.00%	115
133	WP_016695185.1	Saf-pilin pilus formation protein	339	339	100%	3.00E-117	100.00%	165
134	WP_000067286.1	D-galactonate dehydratase	865	865	100%	0	100.00%	417
135	WP_001137783.1	hypothetical protein	120	120	100%	3.00E-34	100.00%	60
136	EGP2943519.1	hypothetical protein	399	399	100%	4.00E-140	99.49%	197
137	EEK8314082.1	HNH endonuclease	114	114	100%	7.00E-32	100.00%	56
138	CAR32723.1	hypothetical phage protein	364	364	100%	5.00E-127	100.00%	176
139	WP_231273940.1	tetratricopeptide repeat protein	307	307	100%	5.00E-105	100.00%	164
140	WP_001233370.1	DUF4756 family protein	315	315	100%	4.00E-108	100.00%	159
141	WP_001713555.1	ClpX C4-type zinc finger protein	123	123	100%	5.00E-35	100.00%	69
142	WP_000686693.1	hypothetical protein	540	540	100%	0	100.00%	259

143	WP_012543358.1	RecE family exodeoxyribonuclease	432	432	100%	7.00E-153	100.00%	207
144	AHP72377.1	hypothetical protein	317	317	100%	8.00E-109	100.00%	155
145	EBK8203512.1	glycosyltransferase	682	682	100%	0	99.70%	333
146	HBA9876716.1	TPA: type I toxin-antitoxin system Hok family toxin	139	139	100%	3.00E-41	98.57%	70
147	WP_000257219.1	terminase TerL endonuclease subunit	1202	1202	100%	0	100.00%	576
148	WP_000248213.1	LysM peptidoglycan-binding domain-containing protein	590	590	100%	0	100.00%	290
149	WP_001029734.1	class I SAM-dependent DNA methyltransferase	1123	1123	100%	0	100.00%	539
150	EGE35783.1	putative GntR-family regulatory protein	1012	1012	100%	0	100.00%	503
151	WP_000722542.1	lipoprotein	360	360	100%	4.00E-125	100.00%	176

Anexo 30. Genes exclusivos de S. Mbandaka ST-413

Number	Accession	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len
1	WP_001014910.1	crossover junction endodeoxyribonuclease RusA	272	272	100%	6.00E-92	100.00%	131
2	WP_000924695.1	SDR family NAD(P)-dependent oxidoreductase	492	492	100%	4.00E-175	100.00%	249
3	EBF7770312.1	relaxase	1105	1105	100%	0	99.63%	539
4	WP_000062367.1	helix-turn-helix domain-containing protein	473	473	100%	4.00E-168	100.00%	246
5	EEA3222502.1	hypothetical protein	181	181	100%	1.00E-56	100.00%	133
6	EAB4861138.1	IS3 family transposase	404	404	100%	1.00E-141	100.00%	220
7	AXE12185.1	DNA transfer protein	1216	1216	100%	0	100.00%	606
8	WP_000896275.1	hypothetical protein	279	279	100%	1.00E-94	100.00%	136
9	WP_017441266.1	phage tail protein	1131	1131	100%	0	100.00%	552
10	WP_017441547.1	DUF4424 family protein	636	636	100%	0	100.00%	310
11	WP_000586675.1	tetratricopeptide repeat protein	496	496	100%	4.00E-177	100.00%	239
12	MDI8976179.1	DUF4431 domain-containing protein	753	753	100%	0	100.00%	363
13	WP_017441960.1	type II toxin-antitoxin system HigB family toxin	211	211	100%	2.00E-68	100.00%	103
14	WP_017441735.1	ATP-binding protein	2026	2026	100%	0	100.00%	989
15	WP_001075547.1	LysR substrate-binding domain-containing protein	634	634	100%	0	100.00%	307
16	WP_017442165.1	hypothetical protein	191	191	100%	4.00E-61	100.00%	95
17	EED5213501.1	Eae-like protein	420	420	100%	5.00E-148	99.51%	205
18	WP_020898872.1	phage head closure protein	224	224	100%	1.00E-73	100.00%	112
19	WP_000834176.1	hypothetical protein	128	128	100%	5.00E-37	100.00%	67
20	SUE65138.1	Uncharacterised protein	74.3	74.3	100%	2.00E-16	100.00%	37
21	WP_220539642.1	head maturation protease, ClpP-related	568	568	100%	0	100.00%	282
22	ESH90549.1	hypothetical protein	160	160	100%	2.00E-49	100.00%	77
23	WP_001068154.1	hypothetical protein	102	102	100%	2.00E-25	100.00%	30
24	WP_111769451.1	phage major capsid protein	825	825	100%	0	100.00%	405
25	WP_017441380.1	hypothetical protein	700	700	100%	0	100.00%	345
26	AKG29221.1	Alpha-fimbriae tip adhesin	739	739	100%	0	100.00%	352

27	WP_001016182.1	3'-5' exonuclease	380	380	100%	3.00E-133	100.00%	182
28	WP_254891721.1	phage holin family protein	199	199	100%	9.00E-64	100.00%	131
29	WP_017442107.1	autotransporter outer membrane beta-barrel domain-containing protein	1947	1947	100%	0	100.00%	992
30	WP_000434354.1	P63C domain-containing protein	600	600	100%	0	100.00%	290
31	WP_000182933.1	hypothetical protein	188	188	100%	9.00E-60	100.00%	95
32	WP_137058100.1	hypothetical protein	160	160	100%	2.00E-49	100.00%	79
33	WP_061705474.1	hypothetical protein	939	939	100%	0	100.00%	475
34	AH0535	hypothetical protein	70.1	70.1	100%	1.00E-14	100.00%	32
35	WP_080206651.1	phage terminase small subunit P27 family	315	315	100%	5.00E-108	100.00%	154
36	WP_023242880.1	response regulator receiver domain	1237	1237	100%	0	100.00%	607
37	EHA5016443.1	hypothetical protein	578	578	100%	0	99.64%	280
38	AKG31301.1	Transposase	320	320	100%	4.00E-110	100.00%	155
39	WP_017441482.1	recombinase family protein	388	388	99%	8.00E-136	100.00%	192
40	AKG30639.1	hypothetical protein	646	646	100%	0	100.00%	314
41	WP_000175471.1	hypothetical protein	200	200	100%	1.00E-64	100.00%	96
42	WP_017442088.1	nicotinamide riboside transporter PnuC	486	486	100%	4.00E-173	100.00%	242
43	WP_017441224.1	hypothetical protein	510	510	100%	0	100.00%	256
44	WP_000418733.1	hypothetical protein	236	236	100%	4.00E-78	100.00%	117
45	AKG31752.1	TrbH	145	145	100%	1.00E-43	100.00%	68
46	WP_000673424.1	fimbrial protein	366	366	100%	3.00E-127	100.00%	185
47	ULG09629.1	hypothetical protein	85.5	85.5	100%	2.00E-20	100.00%	43
48	WP_017441550.1	DUF4424 family protein	673	673	100%	0	100.00%	323
49	AKG30645.1	Transposase, Mutator family protein	253	253	100%	1.00E-84	100.00%	120
50	WP_017442262.1	hypothetical protein	254	254	100%	7.00E-85	100.00%	125
51	WP_000561389.1	helix-turn-helix domain-containing protein	280	280	100%	6.00E-95	100.00%	139
52	WP_000755794.1	DUF5384 family protein	340	340	100%	2.00E-117	100.00%	179
53	WP_176202028.1	N-6 DNA methylase	737	737	100%	0	100.00%	361
54	WP_023994440.1	glycoside hydrolase family protein	322	322	100%	7.00E-111	100.00%	155
55	WP_001518324.1	MFS transporter	890	890	100%	0	100.00%	443

56	WP_000591415.1	TonB-dependent vitamin B12 receptor BtuB	1263	1263	100%	0	100.00%	618
57	WP_024157368.1	hypothetical protein	154	154	100%	4.00E-47	100.00%	77
58	CRY87034.1	Uncharacterised protein	60.8	60.8	100%	4.00E-11	96.88%	32
59	AKG32730.1	hypothetical protein	163	163	100%	2.00E-50	100.00%	81
60	WP_000369560.1	GNAT family N-acetyltransferase	358	358	100%	1.00E-124	100.00%	172
61	AKG31489.1	Transposase insN	205	205	100%	3.00E-66	100.00%	100
62	WP_000092680.1	hypothetical protein	644	644	100%	0	100.00%	310
63	WP_017442260.1	hypothetical protein	148	148	100%	1.00E-44	100.00%	75
64	WP_017441483.1	hypothetical protein	445	445	100%	1.00E-157	100.00%	214
65	AKG31665.1	hypothetical protein	554	554	100%	0	100.00%	272
66	AKG29451.1	hypothetical protein	325	325	100%	9.00E-112	100.00%	161
67	AKG29063.1	hypothetical protein	216	216	100%	7.00E-71	100.00%	102
68	WP_000773469.1	PapB/FocB family fimbrial expression transcriptional regulator	197	197	100%	2.00E-63	100.00%	96
69	WP_111768914.1	head-tail connector protein	224	224	100%	1.00E-73	100.00%	108
70	WP_024137348.1	hypothetical protein	138	138	100%	9.00E-41	100.00%	71
71	WP_023242787.1	hypothetical protein	164	164	100%	1.00E-50	100.00%	81
72	WP_017441535.1	fimbrial chaperone	508	508	100%	0	100.00%	250
73	WP_129369178.1	hypothetical protein	129	129	100%	2.00E-37	100.00%	66
74	WP_000568804.1	hypothetical protein	105	105	100%	2.00E-28	100.00%	51
75	EBO5078746.1	lysis protein	316	316	100%	2.00E-108	100.00%	156
76	WP_023206081.1	outer membrane usher protein	1767	1767	100%	0	99.88%	865
77	AKG33094.1	Nudix hydrolase	181	181	100%	4.00E-57	100.00%	88
78	WP_223195365.1	fimbrial protein StkG	724	724	100%	0	100.00%	354
79	WP_000646714.1	hypothetical protein	306	306	100%	7.00E-105	100.00%	147
80	WP_001186616.1	fimbrial-like protein	402	402	100%	5.00E-141	100.00%	199
81	WP_017441353.1	hypothetical protein	260	260	100%	2.00E-87	100.00%	129
82	WP_000168278.1	single-stranded DNA-binding protein	316	316	100%	2.00E-108	100.00%	152
83	WP_000466114.1	fimbrial protein	404	404	100%	6.00E-142	100.00%	201
84	WP_017442172.1	hypothetical protein	296	296	100%	4.00E-101	100.00%	148

85	WP_017441178.1	site-specific integrase	644	644	100%	0	100.00%	308
86	WP_017442261.1	reverse transcriptase family protein	654	654	100%	0	100.00%	319
87	AKG31948.1	Membrane protein	395	395	100%	9.00E-139	100.00%	193
88	WP_001083251.1	HNH endonuclease	343	343	100%	5.00E-119	100.00%	166
89	WP_024137353.1	retron system putative HNH endonuclease	502	502	100%	4.00E-179	100.00%	241
90	WP_023242786.1	ead/Ea22-like family protein	526	526	100%	0	100.00%	255
91	ASO27753.1	DUF2188 domain-containing protein	155	155	100%	2.00E-47	100.00%	76
92	WP_017441217.1	group II intron reverse transcriptase/maturase	1159	1159	100%	0	100.00%	557
93	WP_017441546.1	DUF4431 domain-containing protein	780	780	100%	0	100.00%	377
94	EJF5791175.1	hypothetical protein	72.8	72.8	100%	3.00E-15	100.00%	88
95	SQH88868.1	Uncharacterised protein	67	67	100%	2.00E-13	96.97%	33
96	APW05406.1	hypothetical protein	331	331	100%	2.00E-114	100.00%	159
97	WP_001009636.1	glycine zipper 2TM domain-containing protein	340	340	100%	1.00E-117	100.00%	171
98	WP_000821071.1	WG repeat-containing protein	553	553	100%	0	100.00%	274
99	WP_017441175.1	zincin-like metallopeptidase domain-containing protein	634	634	100%	0	100.00%	303
100	EBD5267091.1	DUF3829 domain-containing protein	185	185	100%	1.00E-58	100.00%	90
101	WP_001275017.1	DUF1778 domain-containing protein	180	180	100%	8.00E-57	100.00%	89
102	WP_017442174.1	hypothetical protein	395	395	100%	2.00E-138	100.00%	192
103	WP_000400698.1	hypothetical protein	386	386	100%	3.00E-135	100.00%	187
104	WP_000681556.1	Rha family transcriptional regulator	472	472	100%	6.00E-168	100.00%	229
105	AKG32562.1	Cyclic nucleotide-binding domain protein	545	545	100%	0	100.00%	263
106	EBX5175309.1	hypothetical protein	87	87	100%	7.00E-21	97.56%	72
107	WP_017441173.1	HNH endonuclease	605	605	100%	0	100.00%	290
108	WP_023242747.1	hypothetical protein	462	462	100%	3.00E-164	100.00%	226
109	WP_077907251.1	glycosyltransferase	340	340	100%	6.00E-118	100.00%	164
110	WP_043856157.1	ATP-binding protein	1254	1254	100%	0	100.00%	611
111	WP_017441736.1	DNA cytosine methyltransferase	832	832	100%	0	100.00%	398
112	WP_023242879.1	hypothetical protein	197	197	100%	4.00E-63	100.00%	97
113	WP_001232753.1	hypothetical protein	99	99	100%	9.00E-26	100.00%	47

114	WP_000502177.1	hypothetical protein	290	290	100%	8.00E-99	100.00%	139
115	WP_001188943.1	hypothetical protein	734	734	100%	0	100.00%	361
116	WP_017441377.1	type II toxin-antitoxin system Phd/YefM family antitoxin	154	154	100%	1.00E-46	100.00%	77
117	WP_017441835.1	hypothetical protein	164	164	100%	1.00E-50	100.00%	79
118	WP_017441307.1	DUF4765 family protein	2163	2163	100%	0	100.00%	1140
119	WP_017441893.1	hypothetical protein	1581	1581	100%	0	100.00%	769
120	WP_023242846.1	hypothetical protein	308	308	100%	3.00E-105	100.00%	154
121	WP_157957171.1	hypothetical protein	102	102	100%	3.00E-27	100.00%	50
122	AKG33105.1	hypothetical protein	107	107	100%	6.00E-29	100.00%	51
123	WP_017441414.1	DUF551 domain-containing protein	612	612	100%	0	100.00%	294
124	WP_017441984.1	hypothetical protein	429	429	100%	1.00E-151	100.00%	205
125	WP_017441748.1	restriction endonuclease subunit S	1206	1206	100%	0	100.00%	584
126	WP_001182428.1	nucleoside phosphorylase	505	505	100%	3.00E-180	100.00%	247
127	WP_085386037.1	terminase TerL endonuclease subunit	1209	1209	100%	0	100.00%	580
128	EAM1754284.1	type II toxin-antitoxin system RelE/ParE family toxin	228	228	100%	6.00E-75	99.09%	110
129	WP_242618525.1	nucleotide-binding protein	347	347	100%	3.00E-120	97.70%	174
130	AKG31309.1	Site-specific recombinase, phage integrase family protein	417	417	100%	7.00E-147	100.00%	203
131	WP_000794058.1	holin	164	164	100%	9.00E-51	100.00%	78
132	EEP7016540.1	hypothetical protein	721	721	100%	0	99.71%	348
133	EBL8635249.1	hypothetical protein	114	114	100%	2.00E-31	100.00%	55
134	WP_017441267.1	DUF4376 domain-containing protein	427	427	100%	8.00E-151	100.00%	204
135	WP_017441415.1	hypothetical protein	171	171	100%	3.00E-53	100.00%	85
136	WP_017441537.1	fimbrial protein	391	391	100%	4.00E-137	100.00%	194
137	WP_017441481.1	HEPN domain-containing protein	1021	1021	100%	0	100.00%	489
138	WP_072265163.1	DUF2737 family protein	115	115	100%	3.00E-32	100.00%	56

Anexo 31. Genes exclusivos de S. Newport ST-31

Number	Accession	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len
1	WP_023210889.1	phage tail protein	327	327	100%	2.00E-112	100.00%	160
2	WP_000661530.1	Cox family DNA-binding protein	233	233	100%	5.00E-77	100.00%	112
3	WP_000645096.1	hypothetical protein	229	229	100%	2.00E-75	100.00%	110
4	WP_001534848.1	hypothetical protein	468	468	100%	5.00E-166	100.00%	234
5	WP_023187393.1	toprim domain-containing protein	1846	1846	100%	0	100.00%	885
6	WP_061202213.1	phage terminase small subunit	475	475	100%	6.00E-169	100.00%	232
7	WP_000505908.1	hypothetical protein	131	131	100%	4.00E-38	100.00%	63
8	EAA5976191.1	hypothetical protein	263	263	100%	3.00E-88	100.00%	132
9	ACH51777.1	integrase	690	690	100%	0	100.00%	336
10	WP_000185337.1	helix-turn-helix transcriptional regulator	209	209	100%	9.00E-68	100.00%	101
11	EAA3625774.1	capsid scaffolding protein	674	674	100%	0	100.00%	330
12	WP_000922120.1	hypothetical protein	149	149	100%	3.00E-45	100.00%	72
13	WP_000681786.1	3'-5' exonuclease	394	394	100%	4.00E-138	100.00%	189
14	WP_023210894.1	phage portal protein	703	703	100%	0	100.00%	339
15	WP_000491223.1	head completion/stabilization protein	302	302	100%	3.00E-103	100.00%	150
16	WP_000777801.1	AAA family ATPase	1012	1012	100%	0	100.00%	490
17	WP_001429732.1	hypothetical protein	823	823	100%	0	100.00%	401
18	CAP77092.1	hypothetical protein	150	150	100%	2.00E-45	100.00%	79
19	WP_000932273.1	phage repressor protein CI	432	432	100%	1.00E-152	100.00%	210
20	EJB8998475.1	autotransporter-associated beta strand repeat-containing protein	1275	1275	100%	0	100.00%	947
21	WP_001224307.1	phage major capsid protein, P2 family	800	800	100%	0	99.74%	386
22	WP_000778566.1	hypothetical protein	288	288	89%	1.00E-97	100.00%	143
23	WP_000933379.1	hypothetical protein	286	286	100%	4.00E-97	100.00%	138
24	WP_000127150.1	GPW/gp25 family protein	234	234	100%	2.00E-77	100.00%	115
25	WP_000224816.1	terminase endonuclease subunit	503	503	100%	2.00E-179	100.00%	252
26	WP_000750456.1	hypothetical protein	314	314	100%	9.00E-108	100.00%	155

27	WP_000191852.1	AfaD family invasin	299	299	100%	5.00E-102	100.00%	145
28	WP_001669293.1	DsbA family protein	452	452	100%	2.00E-160	100.00%	219
29	WP_001100431.1	glycosyltransferase family A protein	711	711	100%	0	100.00%	347
30	WP_001180236.1	fimbria/pilus periplasmic chaperone	571	571	100%	0	100.00%	276
31	AIT46162.1	hypothetical protein	252	252	100%	3.00E-84	100.00%	120
32	APQ62769.1	hypothetical protein	221	221	100%	3.00E-72	100.00%	107
33	WP_000177982.1	head completion/stabilization protein	342	342	100%	2.00E-118	100.00%	166
34	WP_000448213.1	DNA-packaging protein FI	244	244	100%	3.00E-81	100.00%	124
35	EAA7413812.1	PabB family transcriptional regulator	145	145	100%	3.00E-43	100.00%	101
36	EBX2060954.1	CDP-abequose synthase	605	605	100%	0	100.00%	294
37	EAY6372529.1	hypothetical protein	179	179	100%	5.00E-55	100.00%	181
38	WP_001669153.1	RNA-guided endonuclease TnpB family protein	835	835	100%	0	100.00%	401
39	WP_046376897.1	DUF4062 domain-containing protein	921	921	100%	0	100.00%	447
40	APQ63487.1	Mannitol repressor protein	396	396	100%	5.00E-139	100.00%	191
41	SQJ06623.1	putative inner membrane protein	311	311	100%	2.00E-106	100.00%	154
42	EJA93149.1	phage tail assembly protein T	176	176	100%	3.00E-55	100.00%	86
43	WP_000468231.1	ogr/Delta-like zinc finger family protein	165	165	100%	5.00E-51	100.00%	79
44	APQ66721.1	hypothetical protein	147	147	100%	2.00E-44	100.00%	71
45	EHC97194.1	Phage capsid and scaffold protein	505	505	100%	7.00E-180	100.00%	270
46	WP_000849743.1	Rz-like lysis system protein LysB	277	277	100%	8.00E-94	100.00%	137
47	WP_000273847.1	sce7725 family protein	615	615	100%	0	100.00%	303
48	WP_000455661.1	fimbria/pilus outer membrane usher protein	1825	1825	100%	0	100.00%	891
49	WP_000790545.1	phosphomannomutase	988	988	100%	0	100.00%	478
50	WP_000368362.1	hypothetical protein	167	167	100%	6.00E-52	100.00%	81
51	APQ62770.1	hypothetical protein	430	430	100%	7.00E-152	100.00%	209
52	WP_000684839.1	nucleoside/nucleotide kinase family protein	493	493	100%	7.00E-176	100.00%	238
53	WP_000775190.1	hypothetical protein	639	639	100%	0	100.00%	313
54	WP_000534554.1	lysozyme	349	349	100%	4.00E-121	100.00%	169
55	WP_000257593.1	restriction endonuclease subunit S	1171	1171	100%	0	100.00%	571

56	APQ64622.1	lipopolysaccharide 1,2-N-acetylglucosaminetransferase	175	175	100%	6.00E-55	100.00%	84
57	EDK5851775.1	glycosyltransferase family 1 protein	682	682	100%	0	99.70%	336
58	EAM2737238.1	hypothetical protein	155	155	100%	2.00E-47	100.00%	76
59	WP_000853169.1	zinc-binding dehydrogenase	873	873	100%	0	100.00%	424
60	EIG0452904.1	PTS mannitol transporter subunit IIA	927	927	100%	0	100.00%	616
61	WP_000368192.1	phage tail protein	998	998	100%	0	100.00%	486
62	WP_000493812.1	DUF4376 domain-containing protein	488	488	100%	7.00E-174	100.00%	233
63	AGS30162.1	O-antigen polymerase	801	801	100%	0	100.00%	423
64	WP_000994057.1	hypothetical protein	468	468	100%	1.00E-166	100.00%	223
65	WP_001518319.1	PTS mannitol transporter subunit IIA	299	299	100%	4.00E-102	100.00%	147
66	VDZ98978.1	Uncharacterised protein	114	114	100%	9.00E-32	100.00%	55
67	WP_001032919.1	phage minor tail U family protein	273	273	100%	5.00E-92	100.00%	133
68	WP_000162127.1	hypothetical protein	1208	1208	100%	0	100.00%	603
69	WP_000997680.1	phage virion morphogenesis protein	314	314	100%	9.00E-108	100.00%	155
70	WP_000038917.1	glycosyltransferase family A protein	663	663	100%	0	100.00%	320
71	AGS31631.1	11.3 kDa protein in GpA 5'region	115	115	100%	4.00E-32	100.00%	56
72	WP_303047911.1	acyltransferase family protein	672	672	100%	0	100.00%	365
73	AGS31693.1	Cytoplasmic protein	120	120	100%	1.00E-33	100.00%	97
74	WP_001113578.1	TraR/DksA C4-type zinc finger protein	152	152	100%	2.00E-46	100.00%	74
75	WP_000405025.1	glycosyltransferase family 4 protein	796	796	100%	0	100.00%	385
76	ECA3633201.1	hypothetical protein	296	296	100%	6.00E-101	100.00%	153
77	WP_000083787.1	head-tail joining protein	237	237	100%	2.00E-78	100.00%	118
78	WP_024131638.1	aldose-1-epimerase	612	612	100%	0	100.00%	300
79	WP_000839694.1	Saf-pilin pilus formation protein SafA	335	335	100%	1.00E-115	100.00%	164
80	WP_001534136.1	class II fructose-bisphosphatase	656	656	100%	0	100.00%	323
81	EBK2408469.1	sce7726 family protein	586	586	100%	0	100.00%	295
82	MMA58912.1	hypothetical protein	189	189	100%	5.00E-60	100.00%	122
83	WP_258229998.1	DapH/DapD/GlmU-related protein	408	408	100%	3.00E-143	100.00%	205
84	WP_000772664.1	integrase arm-type DNA-binding domain-containing protein	875	875	100%	0	100.00%	422

85	WP_000478854.1	phage minor tail protein G	261	261	100%	1.00E-87	100.00%	129
86	APV75208.1	hypothetical protein	182	182	100%	2.00E-57	100.00%	90
87	AXD65386.1	IS200/IS605 family transposase	298	298	100%	9.00E-102	100.00%	146
88	WP_000345334.1	sulfite exporter TauE/SafE family protein	569	569	100%	0	100.00%	291
89	WP_001074705.1	GPO family capsid scaffolding protein	589	589	100%	0	100.00%	287
90	WP_001669192.1	ZirS family two-partner secretion-like system exoprotein	562	562	100%	0	100.00%	274
91	EBJ6189450.1	hypothetical protein	894	894	100%	0	99.78%	446
92	WP_021000421.1	CZB domain-containing protein	116	116	100%	1.00E-32	100.00%	57
93	WP_023233092.1	S49 family peptidase	1020	1020	100%	0	100.00%	504
94	ACF64826.1	gp25	328	328	100%	2.00E-113	100.00%	162
95	WP_111772048.1	phage tail protein	685	685	100%	0	100.00%	580

Anexo 32. Genes exclusivos de S. Typhimurium ST-19

Number	Accession	Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len
1	WP_001063190.1	type I restriction-modification system methyltransferase	1103	1103	100%	0	100.00%	529
2	WP_001521074.1	membrane protein	1263	1263	100%	0	100.00%	624
3	WP_000719916.1	PTS fructose transporter subunit IIBC	952	952	100%	0	100.00%	475
4	EAA5997385.1	DNA helicase	2167	2167	100%	0	100.00%	1113
5	WP_000536990.1	HNH endonuclease	570	570	100%	0	100.00%	280
6	WP_000889010.1	DUF3883 domain-containing protein	799	799	100%	0	100.00%	400
7	WP_000373340.1	hypothetical protein	127	127	100%	1.00E-36	100.00%	68
8	WP_010989065.1	helix-turn-helix transcriptional regulator	242	242	100%	1.00E-80	100.00%	118
9	WP_000021514.1	SgrR family transcriptional regulator	1155	1155	100%	0	100.00%	559
10	WP_010989008.1	ClpP-like prohead protease/major capsid protein fusion protein	1422	1422	100%	0	100.00%	693
11	WP_001542208.1	integrase arm-type DNA-binding domain-containing protein	731	731	100%	0	100.00%	354
12	ADX20474.1	putative outer membrane protein	595	595	100%	0	100.00%	295
13	AHX80271.1	membrane protein	385	385	100%	5.00E-135	100.00%	191
14	WP_001526208.1	DUF4376 domain-containing protein	420	420	100%	3.00E-148	100.00%	201
15	AAX64899.1	Gifsy-2 prophage probable minor tail protein	165	165	100%	4.00E-51	100.00%	83
16	AEF10290.1	hypothetical protein	213	213	100%	2.00E-69	100.00%	104
17	HAT5743956.1	TPA: EthD domain-containing protein	260	260	100%	3.00E-87	100.00%	130
18	WP_000022213.1	tail fiber assembly protein	309	309	100%	6.00E-106	100.00%	147
19	ACF67752.1	putative inner membrane protein	892	892	100%	0	100.00%	440
20	WP_000478859.1	phage minor tail protein G	266	266	100%	1.00E-89	100.00%	132
21	WP_000701821.1	AlpA family transcriptional regulator	145	145	100%	2.00E-43	100.00%	71
22	HEC7196551.1	TPA: 1-phosphofructokinase	629	629	100%	0	100.00%	314
23	WP_000480483.1	PTS glucitol/sorbitol transporter subunit IIC	339	339	100%	6.00E-117	100.00%	173
24	WP_001107908.1	DUF2190 family protein	209	209	100%	1.00E-67	100.00%	107
25	HEE5263598.1	TPA: type I restriction-modification system endonuclease	2161	2161	100%	0	100.00%	1067
26	WP_000908622.1	abequosyltransferase RfbV	681	681	100%	0	100.00%	333

27	WP_000375832.1	DcrB-related protein	309	309	100%	4.00E-106	100.00%	148
28	WP_000453194.1	phage tail protein	380	380	100%	1.00E-132	100.00%	188
29	MBZ4898657.1	BREX system P-loop protein BrxC	2160	2160	100%	0	100.00%	1213
30	WP_001033832.1	Gfo/Idh/MocA family oxidoreductase	701	701	100%	0	100.00%	337
31	WP_001027807.1	sugar kinase	650	650	100%	0	100.00%	315
32	KYE00280.1	alkaline phosphatase	1805	1805	100%	0	99.88%	867
33	ACF68303.1	putative cytoplasmic protein	787	787	100%	0	100.00%	379
34	WP_000353754.1	retron St85 family RNA-directed DNA polymerase	636	636	100%	0	100.00%	311
35	WP_194175580.1	3-hexulose-6-phosphate synthase	420	420	100%	1.00E-147	100.00%	212
36	ABI99686.1	conserved hypothetical protein	69.7	69.7	100%	9.00E-14	93.94%	115
37	ADX20264.1	hypothetical protein	416	416	100%	2.00E-146	100.00%	202
38	WP_000698773.1	fimbrial biogenesis chaperone StcB	459	459	100%	7.00E-163	100.00%	227
39	WP_001118363.1	DeoR/GlpR family DNA-binding transcription regulator	566	566	100%	0	100.00%	277
40	WP_000203581.1	hypothetical protein	433	433	100%	4.00E-153	100.00%	212
41	ADX17994.1	putative phage protein	844	844	100%	0	100.00%	433
42	WP_001240360.1	membrane protein	676	676	100%	0	100.00%	331
43	WP_010989045.1	antiterminator Q family protein	248	248	100%	1.00E-82	100.00%	122
44	HAT5079511.1	TPA: restriction endonuclease subunit S	960	960	100%	0	99.79%	469
45	HAU2772857.1	TPA: MATE family efflux transporter	595	595	100%	0	100.00%	430
46	WP_000290512.1	restriction endonuclease	620	620	100%	0	100.00%	304
47	ACN46815.1	Gifsy-2 prophage ATP-binding sugar transporter-like protein	174	174	100%	1.00E-54	100.00%	88
48	ACF66374.1	putative cytoplasmic protein	596	596	100%	0	100.00%	288
49	AIE06411.1	hypothetical protein DC51_2536	884	884	100%	0	100.00%	430
50	ACF69931.1	6-phospho 3-hexuloisomerase	374	374	100%	4.00E-130	100.00%	188
51	AIE06680.1	Glucose-6-phosphate isomerase	582	582	100%	0	100.00%	288
52	WP_001165471.1	MerR family transcriptional regulator	227	227	100%	1.00E-74	100.00%	110
53	WP_000196702.1	phage minor tail U family protein	272	272	100%	6.00E-92	100.00%	133
54	WP_000566905.1	DUF1788 domain-containing protein	416	416	100%	2.00E-146	100.00%	200
55	EAR9429755.1	NTPase	902	902	100%	0	99.77%	443

56	ABX66194.1	hypothetical protein	469	469	100%	7.00E-167	100.00%	223
57	EAT1669251.1	BREX-1 system adenine-specific DNA-methyltransferase PglX	2178	2178	100%	0	100.00%	1225
58	WP_152936421.1	hypothetical protein	108	108	100%	1.00E-29	100.00%	53
59	WP_000061088.1	hypothetical protein	436	436	100%	2.00E-154	100.00%	212
60	AFD59023.1	CDP-abequose synthase	619	619	100%	0	100.00%	302
61	AGQ69265.1	restriction endonuclease	691	691	100%	0	100.00%	335
62	WP_001215679.1	tail fiber assembly protein	362	362	100%	5.00E-126	100.00%	175
63	WP_001193068.1	protease Lon-related BREX system protein BrxL	1444	1444	100%	0	100.00%	694
64	WP_000748205.1	major pilin PefA	340	340	100%	1.00E-117	100.00%	172
65	BBH76994.1	hypothetical protein	68.9	68.9	100%	3.00E-14	100.00%	33
66	WP_000830686.1	fimbrial protein YehD	358	358	100%	2.00E-124	100.00%	176
67	WP_000749979.1	transcriptional regulator	190	190	100%	2.00E-60	100.00%	94
68	EBP1799350.1	glycerate kinase	158	158	100%	9.00E-48	100.00%	117
69	ACN46312.1	hypothetical protein	103	103	100%	2.00E-27	100.00%	50
70	EBX1969004.1	primosomal replication protein PriB/PriC domain protein	133	133	100%	8.00E-39	98.53%	68
71	WP_001687450.1	Arm DNA-binding domain-containing protein	195	195	100%	2.00E-62	100.00%	95
72	WP_000556518.1	autotransporter outer membrane beta-barrel domain-containing protein	1919	1919	100%	0	100.00%	978
73	WP_001009207.1	phage portal protein	1050	1050	100%	0	100.00%	515
74	EEK5623320.1	AAA family ATPase	850	850	100%	0	99.77%	427
75	WP_117100507.1	hypothetical protein	556	556	100%	0	100.00%	275
76	WP_000765279.1	putative fimbrial-like adhesin protein	683	683	100%	0	100.00%	335
77	WP_000368196.1	tail fiber protein	1173	1173	100%	0	100.00%	581
78	WP_000973738.1	PTS glucitol/sorbitol transporter subunit IIA	251	251	100%	9.00E-84	100.00%	124
79	EDD1479859.1	AAA family ATPase	751	751	100%	0	99.72%	363
80	WP_000088556.1	integrase domain-containing protein	598	598	100%	0	100.00%	291
81	AGK10393.1	hypothetical protein	124	124	100%	3.00E-35	100.00%	60
82	EDT6954706.1	phage holin, lambda family	225	225	100%	5.00E-74	100.00%	116
83	VUG01881.1	putative inner membrane protein	647	647	100%	0	100.00%	380
84	WP_010989100.1	DUF4435 domain-containing protein	551	551	100%	0	100.00%	273

85	MBZ4879491.1	PAAR domain-containing protein	1250	1250	100%	0	100.00%	615
86	WP_001520307.1	DUF927 domain-containing protein	1414	1414	100%	0	100.00%	689
87	WP_001098984.1	PTS glucitol/sorbitol transporter subunit IIB	640	640	100%	0	100.00%	326
88	WP_000073810.1	DEAD/DEAH box helicase	1357	1357	100%	0	100.00%	660
89	NYL66384.1	acyltransferase family protein	683	683	100%	0	100.00%	589
90	ECS3651455.1	PTS glucose transporter subunit IIABC	883	883	100%	0	100.00%	513