

<https://doi.org/10.23913/ride.v15i30.2358>

*Artículos científicos*

## **Norovirus en las unidades de producción cunícola tras la pandemia por COVID-19**

*Norovirus in rabbit production units after the COVID-19 pandemic*

*Norovírus em unidades de produção de coelhos após a pandemia de COVID-  
19*

**Anahí Jiménez Ramos**

Universidad Autónoma del Estado de México, Centro Universitario UAEM  
Amecameca, México

[ajimenezr407@alumno.uaemex.mx](mailto:ajimenezr407@alumno.uaemex.mx)

<https://orcid.org/0009-0001-5066-2163>

**Linda Guiliana Bautista Gómez\***

Universidad Autónoma del Estado de México, Centro Universitario UAEM  
Amecameca, México

[lgbautistag@uaemex.mx](mailto:lgbautistag@uaemex.mx)

<https://orcid.org/0000-0002-3990-5937>

**José Simón Martínez Castañeda**

Universidad Autónoma del Estado de México, Facultad de Medicina Veterinaria y  
Zootecnia, México

[jsmartinezc@uaemex.mx](mailto:jsmartinezc@uaemex.mx)

<https://orcid.org/0000-0002-8727-0307>

**Salvador Fonseca Coronado**

Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Estudios Superiores  
Cuautitlán, México.

[fonsecacoronado@yahoo.com](mailto:fonsecacoronado@yahoo.com)

<https://orcid.org/0000-0003-3853-6313>

\*Autor correspondencia

## Resumen

Norovirus (NoV) es uno de los principales agentes etiológicos de gastroenteritis aguda en humanos y animales. Es un virus altamente infeccioso y de distribución mundial. La infección se realiza a través de la interacción con receptores HBGA, presentes en diferentes células epiteliales superficiales y en fluidos corporales de humanos, murinos, bovinos y murciélagos. Estos receptores también están presentes en las células epiteliales intestinales (enterocitos) de los conejos, razón por la cual se favorece la infección por NoV. La cunicultura en México surge como alternativa a la escasez de alimentos y la falta de empleo en las zonas rurales, por ello es importante apoyar en el fortalecimiento de la actividad. El objetivo de esta investigación consistió en detectar infecciones producidas por NoV en los conejos en unidades de producción cunícola del Estado de México, mediante la técnica de RT-PCR. Como resultado obtuvimos una frecuencia de 22.34% de NoV presente en conejos con signología diarreica. Estos resultados nos dan la pauta para continuar con el estudio de NoV en conejos y poder evaluar su posible potencial zoonótico que contribuya al conocimiento del estado zoonosario y además permita la mejora en la salud pública de la población.

**Palabras clave:** Norovirus, infección, conejos, traspatio, México.

## Abstract

Norovirus (NoV) is one of the main etiological agents of acute gastroenteritis in humans and animals. It is a highly infectious virus and worldwide distribution. The infection is carried out through the interaction with HBGA receptors, present in different superficial epithelial cells and in body fluids of humans, murine animals, cattle and bats. These receptors are also present in the intestinal epithelial cells (enterocytes) of rabbits, which is why NoV infection is favored. Rabbit farming in Mexico emerges as an alternative to food shortages and lack of employment in rural areas, so it is important to support the strengthening of the activity. The objective of this research was to detect infections caused by NoV in rabbits in rabbit production units of the State of Mexico, using the RT-PCR technique. As a result, we obtained a frequency of 22.34% of NoV present in rabbits with diarrheal signology, these results give us the guideline to continue with the study of NoV in rabbits and to evaluate its possible zoonotic potential that contributes to the knowledge of the animal health status and allows the improvement in the public health of the population.

**Keywords:** Norovirus, infection, rabbits, backyard, Mexico.

## Resumo

O norovírus (NoV) é um dos principais agentes etiológicos de gastroenterites agudas em humanos e animais. É um vírus altamente infeccioso com distribuição mundial. A infecção é realizada através da interação com receptores HBGA, presentes em diferentes células epiteliais superficiais e em fluidos corporais de humanos, murinos, bovinos e morcegos. Esses receptores também estão presentes nas células epiteliais intestinais (enterócitos) de coelhos, razão pela qual a infecção por NoV é favorecida. A criação de coelhos no México surge como uma alternativa à escassez de alimentos e à falta de emprego nas zonas rurais, por isso é importante apoiar o fortalecimento da atividade. O objetivo desta pesquisa foi detectar infecções causadas por NoV em coelhos em unidades de produção de coelhos no Estado do México, utilizando a técnica de RT-PCR. Como resultado obtivemos uma frequência de 22,34% de NoV presente em coelhos com sinais diarreicos. Estes resultados dão-nos orientação para continuar com o estudo do NoV em coelhos e poder avaliar o seu possível potencial zoonótico que contribui para o conhecimento do estado zoossanitário e também permite a melhoria na saúde pública da população.

**Palavras-chave:** Norovírus, infecção, coelhos, quintal, México.

**Fecha Recepción:** Mayo 2023

**Fecha Aceptación:** Noviembre 2024

---

## Introducción

Norovirus (NoV) son una de las causas más comunes de gastroenteritis viral en humanos y animales (Chhabra *et al.*, 2019). Son el agente etiológico más común de la gastroenteritis aguda (Ahmed *et al.*, 2014) y son responsables de aproximadamente el 20 % de todos los casos de gastroenteritis aguda en todo el mundo, con una prevalencia similar en países de ingresos altos y bajos (Liao *et al.*, 2021).

NoV, es miembro de la familia Caliciviridae, su genoma está compuesto por un ARN lineal de sentido positivo, que tiene aproximadamente 7,6 kb de longitud (Jiang *et al.*, 1993). Posee tres marcos de lectura abiertos (ORF) 1, 2 y 3, que codifican seis proteínas virales (VP). ORF-2 y ORF-3 codifican los componentes estructurales del virión VP1 y VP2; ORF-1 codifica proteínas no estructurales, incluyendo la proteasa del NoV y la ARN polimerasa dependiente de ARN (Thorne y Goodfellow, 2014).

Actualmente se organiza en diez genogrupos (G) (GI a GX), que se dividen en 50 genotipos. Los genogrupos que se han identificado en humanos son GI, GII, GIV.1, GVIII y GIX, en animales se identifican una amplia variedad de genogrupos: porcinos (GII.11, GII.18 y GII.19), bovinos (GIII.1 y GIII.2), ovinos (GIII.3), roedores (GV.1 y GV.2), felinos (GIV.2, GVI.1 y GVI.2), leones (GIV.2), caninos (GVI.1, GVI.2 y GVII), marsopas comunes (GNA1), leones marinos (GNA2) y murciélagos (GX) (Villabrúna *et al.*, 2021).

Los antígenos del grupo histosanguíneo humano (HBGA) y, en particular, las familias fenotipos Lewis, Secretor y ABO, sirven como receptores de unión al NoV (Dabelsteen, 2002; Marionneau *et al.*, 2001). Se ha demostrado que algunos animales expresan receptores de la familia HBGA, los cuales favorecen la infección por NoV, las especies reportadas son murinos (Taube *et al.*, 2009), bovinos (Zakhour *et al.*, 2009), caninos (Caddy *et al.*, 2014), y murciélagos (Kocher *et al.*, 2018). Los conejos también expresan receptores de unión HBGA (A, B y H tipo 2 [Lewis Y]) en la región del duodeno, además de otras regiones anatómicas, como tráquea y conductos biliares donde se expresan débilmente varios tipos de HBGA (Nyström *et al.*, 2011). Los porcinos no expresan receptores HBGA, sin embargo, sí desarrollan infecciones por NoV aunque se desconocen los receptores (Silva *et al.*, 2015).

El sector de cunicultura en México implementa la cría, engorda y reproducción de conejos con el objetivo de obtener carne blanca de alta calidad para el consumo humano, ya que esta carne tiene un porcentaje alto de proteínas, vitaminas y minerales, y además es reducida en calorías, grasas y colesterol (SADER, 2016). Las características que tiene la carne de conejo son aprovechadas para solucionar problemas de desnutrición que afectan a poblaciones vulnerables y/o de escasos recursos económicos en varios estados de la república mexicana (Jaramillo *et al.*, 2015).

México tiene un inventario de 11 560 unidades de producción (UP) que reportan un inventario de 1 108 350 conejos domésticos. El Estado de México se mantiene desde el 2012 como principal líder productor y consumidor de carne de conejo a nivel nacional y posee un inventario de 66.806 vientres registrados en 3 885 UP y 293 332 conejos (SENASICA, 2020). Esta producción se encuentra relacionada principalmente con el corredor turístico “los Volcanes” y “la Ruta de Sor Juana”, que comprende los municipios de Tepetlixpa, Ozumba y Amecameca (EdoMex, 2017). En el país, la cunicultura se clasifica en tres tipos: tecnificada, semitecnificada y de traspatio, esta última se desarrolla comúnmente con escasas medidas sanitarias (SENASICA, 2020b). Las razas que se emplean comúnmente para la

producción de carne son las siguientes: Nueva Zelanda Blanco, California, Chinchilla, Mariposa, Satinado rojo, Azteca negro e híbridos (Comité Sistema Producto Cunícola, 2012).

## Materiales y métodos

La presente investigación es cualitativa, en la que se realizó un estudio descriptivo, comparativo, observacional, de corte transversal, no experimental e intencional. Se empleó un muestreo no probabilístico y a conveniencia con la finalidad de manifestar que hay determinado rasgo en una población de estudio.

La población de estudio fue conformada por conejos con presencia de cuadros entéricos, de 35-65 días de edad, de todas las razas y de ambos sexos de UP cunícolas dentro de la región I del Estado de México, que comprende los municipios de Valle de Chalco, Chalco, Temamatla, Cocotitlán, Tlalmanalco, Juchitepec, Tenango del Aire, Ayapango, Amecameca, Atlautla, Ozumba, Tepetlixpa y Ecatzingo.

El periodo del estudio de campo se realizó de diciembre 2021 a diciembre 2022, donde también se recolectó información por medio de un cuestionario con datos de interés sobre las generalidades de las unidades de producción cunícolas.

Las muestras obtenidas para la realización de este estudio fueron heces de conejos de UP cunícolas, las cuales se recolectaron e identificaron en bolsas estériles para su fácil manejo, se transportaron en termos refrigerados de 4-8 °C para su procesamiento, análisis y almacenamiento al Laboratorio de Biotecnología, Biología Molecular y Genética del C.U UAEM Amecameca.

Se realizó la extracción de ARN total de manera individual, utilizando la técnica descrita de fenol-cloroformo con Trizol de invitrogen®. El ARN extraído se almacenó en congelación a -75 °C hasta su análisis. Posteriormente se realizó la síntesis de ADNc con el kit comercial ImProm-II™, sistema de transcripción inversa siguiendo las instrucciones del fabricante.

Para la identificación molecular y amplificación de NoV, se empleó la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), utilizando los oligoiniciadores reportados por Kojima *et al.* (2002), dirigidos a la región de la cápside, los cuales son muy eficientes para la amplificación y el diagnóstico rápido de la infección por NoV, donde se obtiene un fragmento de 300 pares de bases (pb). La PCR fue realizada con las siguientes condiciones: desnaturalización inicial 94°C por 5 minutos 40 ciclos; desnaturalización 94°C por 30 segundos, alineamiento 50° C

por 30 segundos y extensión de 72°C por 40 segundos, con una extensión final de 72°C de 5 minutos. Los productos de PCR se separaron en geles de agarosa al 3%, utilizando una electroforesis a 100 volts durante 30 minutos, posteriormente los geles se tiñeron con bromuro de etidio para ser visualizados en transiluminador UV.

## Resultados

La población total fue de 5 327 conejos pertenecientes a 15 granjas productoras de carne de los municipios de la región I, del Estado de México. Dentro de esta población, se identificaron y obtuvieron muestras de 94 conejos con signología entérica, en las que, mediante el análisis molecular empleando los oligoiniciadores diseñados por Kojima *et al.* (2002), se identificó a NoV a través de RT-PCR un total de 21 muestras representando una frecuencia de 22.34% de NoV en conejos de las UP cunícola.

Los conejos positivos a NoV fueron recolectados en granjas pertenecientes a los municipios de Tlalmanalco, Amecameca, Atlautla, Ozumba y Tepetlixpa, como se observa en la tabla1.

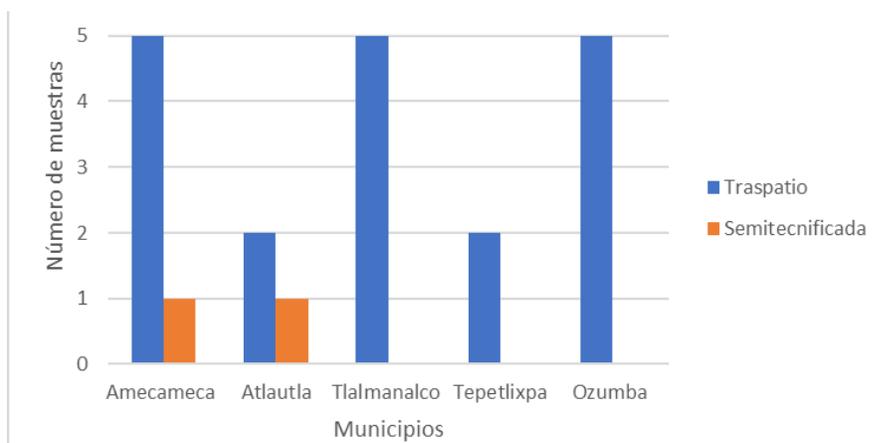
**Tabla 1.** Procedencia de conejos positivos a NoV y tipo de producción.

Municipio de procedencia	Tipo de producción	Identificación de conejo
Amecameca	Traspatio	C20
Atlautla	Traspatio	C22
Tlalmanalco	Semitecnificada	C24
Tlalmanalco	Semitecnificada	C25
Tepetlixpa	Traspatio	C27
Tlalmanalco	Semitecnificada	C28
Tlalmanalco	Semitecnificada	C29
Tlalmanalco	Semitecnificada	C30
Ozumba	Traspatio	C32
Ozumba	Traspatio	C33
Ozumba	Traspatio	C35
Atlautla	Semitecnificada	C38
Amecameca	Traspatio	C40
Amecameca	Traspatio	C41
Amecameca	Traspatio	C42
Ozumba	Traspatio	C45
Ozumba	Traspatio	C46
Amecameca	Semitecnificada	C49
Atlautla	Traspatio	C58
Tepetlixpa	Traspatio	C62
Amecameca	Traspatio	C69

Fuente. Elaboración propia.

Los resultados obtenidos indican que las muestras positivas a NoV se obtuvieron mayormente de UP de traspatio (90.48%) y en menor porcentaje de UP semitecnificada (9.52%), como se observa en la figura 1:

**Figura 1.** Tipo de producción asociado a conejos positivos a NoV pertenecientes a UP del Estado de Mexico.



Fuente: Elaboración propia.

La infección por NoV predominó en conejos híbridos obtenidos principalmente de la cruce de Nueva Zelanda y California 13/21 (61.91%) y de la raza California en 8/21 (38.09%).

## Discusión

Los NoVs son genéticamente diversos, infectan a una amplia gama de huéspedes mamíferos incluido el humano y son de distribución mundial (Kapikian *et al.*, 1972). Las infecciones por NoV representan una carga económica mundial que asciende a los 60 mil millones de dólares (Bartsch *et al.*, 2016).

Aunque todavía no se ha identificado un receptor celular definitivo para los NoVs, se ha demostrado que los receptores HBGA se unen a la proteína VP1 y facilitan la unión y/o entrada en la célula (Rockx *et al.*, 2005). Tal como lo refieren Nyström *et al.* (2011), los conejos expresan receptores HBGA en células epiteliales intestinales haciéndolos susceptibles a la infección por NoV, y demostrado en este estudio mediante la implementación de los oligoiniciadores reportados por Kojima *et al.*, (2002), los cuales permiten un diagnóstico de NoV rápido, específico y altamente sensible a través de la RT-PCR.

En este estudio, también se observó que los conejos que fueron positivos a la infección por NoV presentaron episodios diarreicos agudos, tal como se ha relacionado en brotes reportados de otras especies animales, como bovinos (Di Felice *et al.*, 2016), porcinos (Shen *et al.*, 2012), felinos (Pinto *et al.*, 2012) y caninos (Mesquita y Nascimento, 2012). Sin

embargo, no se descarta que los animales que no presentaron signología entérica no estén infectados con NoV, ya que un estudio epidemiológico realizado en ovinos asintomáticos reporta la detección de NoV (Wolf *et al.*, 2009).

Las enfermedades que se presentan en las UP cunícola son un factor de gran importancia para la cunicultura, ya que disminuyen la rentabilidad y, por ende, la economía de los productores (Lebas *et al.*, 2002).

El desarrollo de la cunicultura en México depende de factores agroecológicos, sociales, económicos y tecnológicos (Vélez *et al.*, 2021); sin embargo, también es necesario incluir estudios que fortalezcan el factor zoonosario epidemiológico en el que se realice la identificación de todos los patógenos que influyen en los procesos productivos y con ello contribuir al desarrollo de esta actividad.

Más del 90% de las muestras de heces de los conejos con signología entérica positivas a NoV son procedentes de granjas de traspatio, donde tal como lo reporta Reynoso *et al.* (2019), la producción es deficiente en infraestructura y manejo, además existe una estrecha relación con otras especies animales, como caninos, felinos, porcinos, equinos, ovinos y aves de engorda, lo cual puede favorecer a la transmisión interespecies de distintas enfermedades, así como la presentación de posibles eventos zoonóticos.

En México y en el mundo, el sector ganadero enfrenta crisis asociadas a la pandemia por COVID-19 (CEPAL, 2020). La cunicultura no fue la excepción, sino que además enfrentó un rebrote de Fiebre Viral Hemorrágica del conejo que afectó alrededor de dos mil 113 familias que viven de la cunicultura, principalmente en Estado de México, Aguascalientes, Hidalgo, Jalisco, Puebla y Tlaxcala (SENASICA, 2021), generando importantes pérdidas económicas estimadas en millones de pesos (Infobae, 2020).

## Conclusiones

Se ha comprobado que, NoV también infectan a la especie (*Oryctulagus cuniculus*); generalmente las infecciones están asociadas a la presencia de diarreas en conejos de UP cunícola de traspatio.

La industria de la carne de conejo en México todavía está en la etapa de tránsito. Sin embargo, esta tiene un gran potencial de desarrollo ya que cumple con la demanda del consumidor en términos nutricionales y además apoya la economía nacional.

## Contribuciones a futuras líneas de Investigación

Es necesario continuar monitoreando y/o vigilando las infecciones producidas por los NoVs en las UP cunícola, para lograr la secuenciación del genoma completo de NoV y, de esta manera, contribuir en la identificación de cepas que infectan a los conejos y su relación con los NoV que contagian a los humanos, a fin de aportar nueva información que ayude a dilucidar el posible potencial zoonótico de NoV.

### Agradecimiento

Jiménez Ramos A. extiende agradecimiento por la beca de doctorado al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología de México (SEP-CONAHCYT).

### Financiación

Esta investigación fue financiada por el Consejo Mexiquense de Ciencia y Tecnología (COMECYT), con el proyecto DICDTEM-2023-137 “Asociación molecular a resistencia farmacológica de patógenos con potencial zoonótico para el desarrollo de un nanosensor” de la convocatoria REDES-COMECYT, EDO MÉX-2022.

### Referencias

- Ahmed, S.M., Hall, A.J., Robinson, A.E., Verhoef, L., Premkumar, P., Parashar, U.D., Koopmans, M., Lopman, B.A. (2014). Global prevalence of norovirus in cases of gastroenteritis: A systematic review and meta-analysis. *Lancet Infect. Dis.* 14:725–730. DOI: 10.1016/S1473-3099(14)70767-4.
- Bartsch, S.M., Lopman, B.A., Ozawa, S., Hall, A.J., Lee, B.Y. (2016). Global economic burden of norovirus gastroenteritis. *Plos One.* 11:E0151219. DOI: 10.1371/journal.pone.0151219.
- Caddy, S, Breiman, A, le Pendu, J., Goodfellow, I. (2014). Genogroup IV and VI canine noroviruses interact with histo-blood group antigens. *J Virol.* 88(18):10377–10391. DOI: 10.1128/JVI.01008-14.
- Comité Sistema Producto Cunícola. (2012). Plan rector sistema producto cunícola del Distrito Federal. Ciudad de México.
- CEPAL (2020). The Pandemic’s Impacts on the Hardest-Hit Production Sectors Will Affect One Third of Employment in the Region and One Fourth of GDP. Recuperado de

<https://www.cepal.org/en/pressreleases/pandemics-impacts-hardest-hit-production-sectors-will-affect-one-third-employment>.

- Chhabra, P., de Graaf, M., Parra, G.I., Chan, M.C-W., Green, K., Martella, V., Wang Q., White, P.A., Katayama, K., Vennema, H., Koopmans, M.P.G., Vinje, J. (2019). Updated classification of norovirus genogroups and genotypes. *J Gen Virol.* 100:jgv001318. DOI: 10.1099/jgv.0.001318.
- Dabelsteen, E. (2002). ABO blood group antigens in oral mucosa. What is new? *J Oral Pathol Med.* 31(2):65-70. DOI: 10.1046/j.0904-2512.2001.00004.x.
- Di Felice, E., Mauroy, A., Pozzo, F.D., Thiry, D., Ceci, C., Di Martino, B., Marsilio, F., Thiry, E. (2016). Bovine noroviruses: A missing component of calf diarrhoea diagnosis. *Vet. J.* 207:53–62. DOI: 10.1016/j.tvjl.2015.10.026.
- EdoMex. (2017). Conoce el EdoMex. 25 de abril de 2016. Recuperado de [https://www.edomex.gob.mx/corredores\\_turisticos](https://www.edomex.gob.mx/corredores_turisticos).
- Infobae. (2020). El costo de la pandemia: México ha erogado hasta 9 mil millones de pesos diarios. 24 Sep, 2020. Recuperado de <https://www.infobae.com/america/mexico/2020/09/24/el-costo-de-la-pandemia-mexico-ha-erogado-hasta-9-mil-millones-de-pesos-diarrios/>.
- Jaramillo, V.J., Vargas, L.S., Guerrero, R.J. (2015). Preferencias de consumidores y disponibilidad a pagar por atributos de calidad en carne de conejo orgánico. *Rev Mex Cienc Pecu.* 6(1):221-232. Recuperado de [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S20071124201500020007&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S20071124201500020007&lng=es&tlng=es).
- Jiang, X., Wang., M., Wang, K., Estes, M.K. (1993). Sequence and genomic organization of Norwalk virus. *Virology.* 195(1):51-61. DOI: 10.1006/viro.1993.1345.
- Kapikian, A.Z., Wyatt, R.G., Dolin, R., Thornhill, T.S., Kalica, A.R., Chanock, R.M. (1972). Visualization by Immune Electron Microscopy of a 27-nm Particle Associated with Acute Infectious Nonbacterial Gastroenteritis. *J. Virol.* 10:1075–1081. DOI: 10.1128/jvi.10.5.1075-1081.1972.
- Kocher, J.F., Lindesmith, L.C., Debbink, K., Beall, A., Mallory, M.L., Yount, B.L., Graham, R.L., Huynh, J., Gates, J.E., Donaldson, E.F., Baric, R.S. (2018). Bat Caliciviruses and Human Noroviruses Are Antigenically Similar and Have Overlapping Histo-Blood Group Antigen Binding Profiles. *mBio.* 9(3):e00869-18. DOI: 10.1128/mBio.00869-18.

- Kojima, S., Kageyama, T., Fukushi, S., Hoshino, F.B., Shinohara, M., Uchida, K., Natori, K., Takeda, N., Katayama, K. (2002). Genogroup-specific PCR primers for detection of Norwalk-like viruses. *J Virol Methods*. 100:107–14. DOI: 10.1016/s0166-0934(01)00404-9.
- Lebas, F., Rochabeaut, H., Gidenne, T., Licois, D. (2002). La maîtrise de l'entérocologie progresse. *Cuniculture*. 29 (2) (164): 81-4.
- Liao, Y., Hong, X., Wu, A., Jiang, Y., Liang, Y., Gao, J., Xue, L., Kou, X. (2021). Global prevalence of norovirus in cases of acute gastroenteritis from 1997 to 2021: An updated systematic review and meta-analysis. *Microbio. Pathog.* 161:105259. DOI: 10.1016/j.micpath.2021.105259.
- Marionneau, S., Cailleau-Thomas, A., Rocher, J., Le Moullac-Vaidye, B., Ruvoën, N., Clément, M., Le Pendu, J. (2001). ABH and Lewis histo-blood group antigens, a model for the meaning of oligosaccharide diversity in the face of a changing world. *Biochimie*. 83(7):565-73. DOI: 10.1016/s0300-9084(01)01321-9.
- Mesquita, J.R., Nascimento, M.S.J. (2012). Gastroenteritis outbreak associated with faecal shedding of canine norovirus in a portuguese kennel following introduction of imported dogs from russia. *Transbound. Emerg. Dis.* 59:456–459. DOI: 10.1111/j.1865-1682.2011.01284.x.
- Nyström, K., Le Gall-Reculé, G., Grassi, P., Abrantes, J., Ruvoën-Clouet, N., Le Moullac-Vaidye, B., Lopes, A.M., Esteves, P.J., Strive, T., Marchandea, S., Dell, A., Haslam, S.M., Le Pendu, J. (2011). Histo-blood group antigens act as attachment factors of rabbit hemorrhagic disease virus infection in a virus strain-dependent manner. *Plos Pathog.* 7(8):e1002188. DOI: 10.1371/journal.ppat.1002188.
- Pinto, P., Wang, Q., Chen, N., Dubovi, E.J., Daniels, J.B., Millward, L.M., Buonavoglia, C., Martella, V., Saif, L.J. (2012). Discovery and genomic characterization of noroviruses from a gastroenteritis outbreak in domestic cats in the us. *Plos One*. 7:e32739. DOI: 10.1371/journal.pone.0032739.
- Reynoso, U.E., Bautista, G.L.G., Martínez, C.J.S., Romero, N.C., García, R.V.G., Aguado, A.G.L. Hernández, G.P., Espinosa, A.E. (2019). Análisis de la presencia de Rotavirus en conejos del Estado de México. *Rev Mex Cienc Pecu.* 10(2):511-521. DOI:10.22319/rmcp.v10i2.4638.

- Rockx, B.H., Vennema, H., Hoebe, C.J., Duizer, E., Koopmans, M.P. (2005). Association of histo-blood group antigens and susceptibility to norovirus infections. *J Infect Dis.* 191:749–754. DOI: 10.1086/427779.
- SADER. (2016). | Los secretos de la cunicultura. *Blog* 25 de abril de 2016. Recuperado de <https://www.gob.mx/agricultura/es/articulos/los-secretos-de-la-cunicultura>.
- SENASICA. (2020). Pulso Sanitario, Atlas de Sanidad e Inocuidad Agroalimentaria, Documento consultado, Recuperado de <https://dj.senasica.gob.mx/AtlasSanitario/>.
- SENASICA. (2020b). Acciones conjuntas para proteger la cunicultura. *Blog*. 21 de mayo. Recuperado de <https://www.gob.mx/senasica/articulos/acciones-conjuntas-para-proteger-la-cunicultura>.
- SENASICA. (2021). Renovamos esfuerzos para proteger la cunicultura nacional. *Blog*. 09 de marzo de 2021. Recuperado de <https://www.gob.mx/senasica/articulos/renovamos-esfuerzos-para-proteger-la-cunicultura-nacional>.
- Silva, P.F., Alfieri, A.F., Barry, A.F., de Arruda Leme, R., Gardinali, N.R., Van der Poel, W.H., Alfieri, A.A. (2015). High frequency of porcine norovirus infection in finisher units of Brazilian pig-production systems. *Trop Anim Health Prod.* 47(1):237-41. DOI: 10.1007/s11250-014-0685-3.
- Shen, Q., Zhang, W., Yang, S., Cui, L., Hua, X. (2012). Complete Genome Sequence of a New-Genotype Porcine Norovirus Isolated from Piglets with Diarrhea. *J. Virol.* 86:7015–7016. DOI: 10.1128/JVI.00757-12.
- Taube, S., Perry, J.W., Yetming, K., Patel, S.P., Auble, H., Shu, L., Nawar, H.F., Lee, C.H., Connell, T.D., Shayman, J.A., Wobus, C.E. (2009). Ganglioside-linked terminal sialic acid moieties on murine macrophages function as attachment receptors for murine noroviruses. *J Virol.* 83(9):4092-101. DOI: 10.1128/JVI.02245-08.
- Thorne, L.G., Goodfellow, I.G. (2014). Norovirus gene expression and replication. *J Gen Virol.* 95(2):278-291. DOI: 10.1099/vir.0.059634-0.
- Vélez, I.A., Espinosa, G.J., Aguilar, R.F. (2021). Tipología y caracterización de cunicultores en los Estados del centro de México. *Rev Mex Cienc Pecu.* 12(2), 469-486. DOI:10.22319/rmcp.v12i2.5811.
- Villabruna, N., Schapendonk, C.M.E., Aron, G.I., Koopmans, M.P.G., de Graaf, M. (2021) Human Noroviruses Attach to Intestinal Tissues of a Broad Range of Animal Species. *J Virol.* 13;95(3):e01492-20. DOI: 10.1128/JVI.01492-20.

- Wolf, S., Williamson, W., Hewitt, J., Lin, S., Rivera-Aban, M., Ball, A., Scholes, P., Savill, M., (2009). Greening G.E. Molecular detection of norovirus in sheep and pigs in New Zealand farms. *Vet. Microbiol.* 133:184–189. DOI: 10.1016/j.vetmic.2008.06.019.
- Zakhour, M., Ruvoën-Clouet, N., Charpilienne, A., Langpap, B., Poncet, D., Peters, T., Bovin, N., Le Pendu, J. (2009). The alphaGal epitope of the histo-blood group antigen family is a ligand for bovine norovirus Newbury2 expected to prevent cross-species transmission. *Plos Pathog.* 5(7):e1000504. DOI: 10.1371/journal.ppat.1000504.

Rol de Contribución	Autor (es)
Conceptualización	Linda Guiliana Bautista Gómez
Metodología	Linda Guiliana Bautista Gómez (Principal) Anahí Jiménez Ramos (Principal) José Simón Martínez Castañeda (Que apoya) Salvador Fonseca Coronado (Que apoya)
Software	N/A
Validación	Linda Guiliana Bautista Gómez (Igual) José Simón Martínez Castañeda (Igual) Salvador Fonseca Coronado (Igual)
Análisis Formal	Anahí Jiménez Ramos (Igual) Linda Guiliana Bautista Gómez (Igual)
Investigación	Anahí Jiménez Ramos (Igual) Linda Guiliana Bautista Gómez (Igual)
Recursos	Linda Guiliana Bautista Gómez
Curación de datos	Anahí Jiménez Ramos (Igual) Linda Guiliana Bautista Gómez (Igual) José Simón Martínez Castañeda (Igual) Salvador Fonseca Coronado (Igual)
Escritura - Preparación del borrador original	Anahí Jiménez Ramos (Igual) Linda Guiliana Bautista Gómez (Igual)
Escritura - Revisión y edición	Anahí Jiménez Ramos (Igual) Linda Guiliana Bautista Gómez (Igual) José Simón Martínez Castañeda (Igual) Salvador Fonseca Coronado (Igual)
Visualización	Anahí Jiménez Ramos (Igual) Linda Guiliana Bautista Gómez (Igual) José Simón Martínez Castañeda (Igual) Salvador Fonseca Coronado (Igual)
Supervisión	Linda Guiliana Bautista Gómez (Igual) José Simón Martínez Castañeda (Igual) Salvador Fonseca Coronado (Igual)
Administración de Proyectos	Linda Guiliana Bautista Gómez
Adquisición de fondos	Linda Guiliana Bautista Gómez