

ANEXO

A. Recuento total de microorganismos indicadores

Tabla A.1: Recuento total de los microorganismos indicadores en UFC/g: viables, coliformes totales y E. coli

Código	Muestra	Viables (UFC/g)	Coliformes totales (UFC/g)	E.coli (UFC/g)
EF58	Espinaca	2,29E+07	1,4E+05	0,0E+00
EF59	Lechuga	2,99E+08	1,6E+05	0,0E+00
EF60	Fresa	2,40E+02	3,5E+02	0,0E+00
EF61	Lechuga	1,66E+06	4,5E+05	4,00E+03
EF62	Lechuga (roble)	3,90E+06	1,1E+07	2,50E+03
EF63	Fresa	3,97E+04	1,0E+02	0,0E+00
EF64	Col repollo	7,40E+04	7,0E+03	0,0E+00
EF65	col lombarda	4,10E+03	1,8E+04	0,0E+00
EF66	Espinaca	1,81E+07	7,7E+05	5,00E+03
EF67	col lombarda	3,34E+05	4,5E+04	0,00E+00
EF68	Col repollo	1,68E+07	6,8E+04	0,00E+00
EF69	Espinaca	1,34E+07	2,8E+07	5,20E+06
EF70	Col repollo	1,65E+06	3,4E+05	0,00E+00
EF71	col lombarda	1,15E+05	7,0E+02	0,00E+00
EF72	Espinaca	4,56E+07	2,2E+06	0,00E+00
EF73	Col repollo	1,00E+06	1,0E+04	0,00E+00
EF74	col lombarda	6,00E+03	1,0E+04	0,00E+00
EF75	Espinaca	2,75E+06	2,7E+05	0,00E+00
EF76	col lombarda	3,75E+04	1,5E+03	0,00E+00
EF77	Col repollo	2,45E+05	4,5E+02	0,00E+00
EF78	col lombarda	9,15E+02	3,0E+03	0,00E+00
EF79	FRESA conv	1,40E+02	0,0E+00	0,00E+00
EF80	fresa	3,50E+04	6,50E+02	0,00E+00
EF81	lechuga	3,15E+06	5,50E+04	0,00E+00
EF82	fresa	5,00E+04	1,00E+02	0,00E+00
EF83	espinaca	1,15E+06	2,50E+05	0,00E+00
EF84	col lombarda	6,55E+04	5,00E+03	0,00E+00
EF85	fresa	6,50E+03	2,00E+02	0,00E+00
EF86	espinaca	3,90E+06	2,05E+06	0,00E+00
EF87	col rizada	3,15E+06	2,60E+05	0,00E+00
EF88	fresa	3,90E+05	2,90E+05	0,00E+00
EF89	lechuga roble	2,20E+07	1,23E+07	2,50E+05
EF90	Col repollo	5,70E+06	2,45E+05	0,00E+00
EF91	fresa	8,55E+04	6,30E+03	0,00E+00
EF92	espinaca	9,40E+07	5,50E+06	0,00E+00
EF93	col lombarda	1,00E+05	9,00E+04	0,00E+00
EF94	fresa	6,10E+04	9,50E+03	0,00E+00
EF95	col lombarda	2,10E+05	3,35E+03	0,00E+00
EF96	fresa	2,25E+05	7,50E+02	0,00E+00
EF97	col	4,17E+06	1,00E+03	0,00E+00
EF98	col lombarda	8,75E+05	7,50E+02	0,00E+00
EF99	fresa	1,99E+07	1,40E+03	0,00E+00

B. Resultados de la identificación molecular de aislados

Tabla B. 1. Resultados de la identificación molecular de las cepas identificadas como *Acinetobacter baumannii* por tiras API 20E

Aislado	ID de la solicitud	Identificación	(%)	Acceso
EF69SC-2	97UD4NJT013	<i>Pseudomonas putida</i> cepa SG 5 gen 16S RNAr, secuencia parcial	97,87%	gi 1158499428 KY750243.1
EF69M-3	97U2A9Y2013	<i>Acinetobacter pittii</i> cepa AB17H194 cromosoma, genoma completo	92,45%	gi 1751094453 CP040911.1
EF70M-5	97XEE92M016	<i>Enterobacter cancerogenus</i> cepa MPS1416S	100%	gi 1855725917 MT612440.1
EF72M-4	97Z33PTY016	<i>Acinetobacter baumannii</i> aislado BSA 40 gen 16S RNAr, secuencia parcial	97,58%	gi 1622984671 MK824869.1
EF74SC-1	97UGJCTZ013	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i> cepa GDLB-46 gen 16S RNAr, secuencia parcial	91,80%	gi 1616230209 MK791720.1
EF74SC-3	97VWSDW1013	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i> cepa Sneb530 gen 16S RNAr, secuencia parcial	100,00%	gi 1783758530 MN826157.1
EF76SC-5	97UHMS71013	<i>Pseudomonas</i> sp. DGC-2 gen 16S RNAr, secuencia parcial	97,76%	gi 300675907 HM347049.1
EF79M-2	97YC89HE013	<i>Pseudomonas</i> sp. Cepa 102515 gen 16S RNAr, secuencia parcial	99,35%	gi 1587660348 MK610450.1
EF79M-3	97UNG5RH013	<i>Pseudomonas reinekei</i> cepa SN8 gen 16S RNAr, secuencia parcial	99,44%	gi 485477312 KC790310.1
EF81SC-5	AGK7396T013	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	100%	gi 2240425577 ON544022.1
EF84SC-5	97W2UXE4013	<i>Pseudomonas</i> sp. SWI7 cromosoma, genoma completo	72,38%	gi 1685755910 CP040930.1
EF87SC-3	97UU7UXE013	<i>Pseudomonas</i> sp. Cepa HBUM206424 gen 16S RNAr, secuencia parcial	99,51%	gi 1847283283 MT540518.1
EF91M-4	97UVR98A013	<i>Acinetobacter</i> sp. C1(2013(gen 16S RNA ribosomal, secuencia parcial	99,82%	gi 583831314 KF590559.1
EF91M-5	97VTYDX8016	<i>Acinetobacter</i> sp. C1(2013(gen 16S RNAr, secuencia parcial	99,67%	gi 583831314 KF590559.1
EF93SC-3	97W7DBEJ016	<i>Pseudomonas reidholzensis</i> cepa D98_SO4R gen 16S RNAr, secuencia parcial	99,78%	gi 1633436717 MK883197.1
EF95M-1	97WA4YZC013	<i>Acinetobacter</i> sp. Cepa Gm028 gen 16S RNAr, secuencia parcial	100%	gi 1337002893 MG871198.1

Tabla B. 2. Resultados de secuenciación de los aislados restantes

Aislado	Identificación API	ID solicitud	Identificación	(%)	Acceso
EF63SC-1	<i>Klebsiella pneumoniae ssp pneumoniae 2</i> (85'3%)	ABCAH3HM016	<i>Raoultella terrigena</i> cepa D56_MA5R gen 16S RNA ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1633436682 MK883162.1
EF63SC-2	<i>Klebsiella pneumoniae ssp pneumoniae 2</i> (81'1%)	ABCJWVX0013	<i>Raoultella terrigena</i> cepa NCTC13098 ensamblaje del genoma, cromosoma 1	99,81%	gi 1531751523 LR131271.1
EF63SC-3	<i>Klebsiella pneumoniae ssp pneumoniae 2</i> (85'3%)	ABD6XH3J013	<i>Raoultella terrigena</i> cepa D56_MA5R gen 16S RNA ribosomal, secuencia parcial	99,81%	gi 1633436682 MK883162.1
EF64SC-1	<i>Yersinia enterocolitica</i> (97'9%)	ABD97DAR013	<i>Enterobacter</i> sp. Cepa MD10F gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1680430374 MN049924.1
EF69SC-3	<i>Klebsiella oxytoca</i> 16,3%	ABE2SHCN01R	<i>Pantoea ananatis</i> cepa FDAARGOS_680 cromosoma, genoma completo	99,63%	gi 1860091948 CP054912.1
EF70M-2	<i>Enterobacter cloacae</i> (95,4%)	AW3074RK013	<i>Enterobacter ludwigii</i> cepa ESM19 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1702088840 MN173463.1
EF70M-4	<i>Enterobacter cloacae</i> (95,4%)	AW02E7CZ01R	<i>Enterobacter</i> sp. Cepa NOD9 gen 16S ARN ribosómico secuencia parcial	98,22%	gi 1391915696 MH392323.1
EF71SC-4	<i>Enterobacter cloacae</i> (97,7%)	AW03HHGH01R	<i>Pseudomonas</i> sp. Cepa Str-1a gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	99,74%	gi 1615643301 MK789741.1
EF72SC-2	<i>Enterobacter cloacae</i> (97,7%)	AW04JUMZ01R	<i>Enterobacter hormaechei</i> cepa LS36 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1841784216 MT470964.1

EF72SC-3	<i>Enterobacter cloacae</i> (97,7%)	AW329U2V016	<i>Enterobacter hormaechei</i> cepa LS36 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1841784216 MT470964.1
EF73SC-2	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	AW05K6G101R	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> cepa JM11 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1853410410 MT605300.1
EF73SC-4	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	AW06D68B01R	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> cepa UCD18.5 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1005392155 KU851240.1
EF73SC-5	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	AW07E3TH01R	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> cepa 8 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	99,77%	gi 2231294500 ON357998.1
EF74M-1	<i>stenotrophomonas maltophilia</i> (96,7%)	AW08D7XY013	<i>Stenotrophomonas</i> sp. NTA gen 16S RNA ribosomal, secuencia parcial	99,36%	gi 1622984744 MK824942.1
EF77M-3	<i>Klebsiella pneumoniae</i> ssp <i>rhinoscleromatis</i> o <i>ozanae</i>	AW0F59DY01R	<i>Pseudomonas psyfthrotolerans</i> gen 16S ARN ribosómico, aislado 0911TES5E3	99,78%	gi 762217833 LN774322.1
EF79M-1	<i>Pasteurella pneumotropica</i> (66,3%)	AW0G34JF01R	<i>Pseudomonas</i> sp. Cepa 102515 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	99,68%	gi 1587660348 MK610450.1
EF79M-3.2	<i>Klebsiella pneumoniae</i> ssp <i>rhinoscleromatis</i> o <i>ozanae</i>	AW0GZTW9013	<i>Pseudomonas oryzihabitans</i> cepa 2.1 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1811132577 MT089709.1
EF84M-1	<i>Serratia ficaria</i> (98'7%)	AW0UHAK0016	<i>Pseudomonas</i> sp. Cepa SK 09 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	99,75%	gi 1128613278 KY427439.1
EF84M-4	<i>Klebsiella pneumoniae</i> ssp <i>rhinoscleromatis</i> (89.6%)	AXNWYAN7016	<i>Pseudomonas</i> sp. Cepa HBUM200048 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	97,74%	gi 1193729528 KY945802.1

EF84M-5	<i>Serratia ficaria</i> (96,9%)	AW0VB7W9016	<i>Pseudomonas psychrotolerans</i> cepa DHG28 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1784846536 MN833623.1
EF87SC-2	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> (99,3%)	AW0XAHD201R	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> cepa S1-4 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	99,73%	gi 1778155319 MN732977.1
EF87SC-4	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> (71,8%)	AW0YAT4B01R	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> cepa SM28 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1838556484 MT436715.1
EF87SC-5	<i>Salmonella ssp</i> (84,5%)// <i>Citrobacter freundii</i> (7,3%)	AXNYNMN6013	<i>Pseudomonas putida</i> cepa YC-AE1 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	96,40%	gi 1540304109 MK318658.1
EF88SC-4	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i> (76,1%)	AW10D8KJ013	<i>Pseudomonas</i> sp. Cepa YL11 gen 16S ARN ribosómico, secuencia parcial	99,80%	gi 1337931694 MG877640.1
EF91M-1	<i>Serratia ficaria</i>	AW11901S013	<i>Pseudomonas oryzae</i> cepa 2.1 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1811132577 MT089709.1
EF91M-2	<i>Serratia ficaria</i>	AW12DXTG016	<i>Pseudomonas oryzae</i> cepa 2.1 gen 16S ARN ribosomal, secuencia parcial	100%	gi 1811132577 MT089709.1
EF91M-3	<i>Serratia ficaria</i>	AW35KXES016	<i>Pseudomonas psychrotolerans</i> cepa CS51 cromosoma, genoma completo	99,55%	gi 1690455242 CP021645.1