



Universidad
Nacional
de Loja

Universidad Nacional de Loja

Facultad Agropecuaria y de Recursos Naturales Renovables

Carrera de Medicina Veterinaria

**Caracterización de bacterias Gram positivas, presentes en heces
de porcinos en granjas del cantón Loja**

Trabajo de Integración Curricular previo
a la obtención del título de Médico
Veterinario

AUTOR:

John Steven Cabrera Soto

DIRECTORA:

Bqf. Jessica Ilenia Valdivieso Tituana, MSc

Loja – Ecuador

2024

Certificación



UNL

Universidad
Nacional
de Loja

Sistema de Información Académico
Administrativo y Financiero - SIAAF

CERTIFICADO DE CULMINACIÓN Y APROBACIÓN DEL TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR

Yo, **Valdivieso Tituana Jessica Ilenia**, director del Trabajo de Integración Curricular denominado **Caracterización de bacterias Gram positivas, presentes en heces de porcinos en granjas del catón Loja**, perteneciente al estudiante **JOHN STEVEN CABRERA SOTO**, con cédula de Identidad N° **1729101848**.

Certifico:

Que luego de haber dirigido el **Trabajo de Integración Curricular**, habiendo realizado una revisión exhaustiva para prevenir y eliminar cualquier forma de plagio, garantizando la debida honestidad académica, se encuentra concluido, aprobado y está en condiciones para ser presentado ante las instancias correspondientes.

Es lo que puedo certificar en honor a la verdad, a fin de que, de así considerarlo pertinente, el/la señor/a docente de la asignatura de **Integración Curricular**, proceda al registro del mismo en el Sistema de Gestión Académico como parte de los requisitos de acreditación de la Unidad de Integración Curricular del mencionado estudiante.

Loja, 14 de Marzo de 2024


Creado y certificado por:
JESSICA ILENIA
VALDIVIESO TITUANA
F) _____
**DIRECTOR DE TRABAJO DE INTEGRACIÓN
CURRICULAR**


Certificado TIC/TT.: UNL-2024-001056

1/1
Educamos para Transformar

Autoría

Yo, **John Steven Cabrera Soto**, declaro ser autor del presente Trabajo de Integración Curricular y eximo expresamente a la Universidad Nacional de Loja y a sus representantes jurídicos, de posibles reclamos y acciones legales, por el contenido del mismo. Adicionalmente acepto y autorizo a la Universidad Nacional de Loja la publicación de mi Trabajo de Integración Curricular, en el Repositorio Digital Institucional – Biblioteca Virtual.

Firma:



Cédula de identidad: 0993251312

Fecha: 11 de diciembre del 2024

Correo electrónico: john.cabrera@unl.edu.ec

Teléfono: 0993251312

Carta de autorización por parte del autor, para consulta, reproducción parcial o total y/o publicación electrónica del texto completo del Trabajo de Integración Curricular

Yo, **John Steven Cabrera Soto**, declaro ser autor del Trabajo de Integración Curricular denominado: **Caracterización de bacterias Gram positivas, presentes en heces de porcinos en granjas del cantón Loja**, como requisito para optar por el título de Médico Veterinario, autorizo al sistema Bibliotecario de la Universidad Nacional de Loja para que, con fines académicos, muestre la producción intelectual de la Universidad, a través de la visibilidad de su contenido en el Repositorio Institucional.

Los usuarios pueden consultar el contenido de este trabajo en el Repositorio Institucional, en las redes de información del país y del exterior con las cuales tenga convenio la Universidad.

La Universidad Nacional de Loja, no se responsabiliza por el plagio o copia del Trabajo de Integración Curricular que realice un tercero.

Para constancia de esta autorización, suscribo, en la ciudad de Loja, a los once días del mes de diciembre del dos mil veinticuatro.

Firma:



Autor: John Steven Cabrera Soto

Cédula: 1729101848

Dirección: Los operadores

Correo electrónico: john.cabrera@unl.edu.ec

Teléfono: 0993251312

DATOS COMPLEMENTARIOS:

Directora del Trabajo de Integración Curricular: Bqf. Jessica Ilenia Valdivieso Tituana, MSc.

Dedicatoria

Este trabajo se lo dedico principalmente a Dios por ser el guía en mi camino, por darme fuerzas durante toda mi carrera universitaria, sobre todo en los momentos más difíciles.

A mi madre, Marcia Soto que desde la distancia siempre estuvo apoyándome e impulsándome a perseguir mis metas, sueños y aspiraciones.

A mis abuelos, José Soto, Grimaneza Chamba, por sus consejos y enseñanzas que me ayudaron cuando la situación lo ameritaba y por su incondicional cariño.

A mi hermano Frank Cabrera a quien aprecio profundamente e incondicionalmente.

A Paulina Rosillo quien ha sido mi inspiración para poder culminar mi carrera universitaria, por su apoyo, cariño y por siempre motivarme a ser una mejor persona.

Para todos ustedes va dedicada esta investigación con mucho cariño.

John Steven Cabrera Soto

Agradecimiento

Agradezco profundamente a toda mi familia por su apoyo incondicional, quienes han hecho un gran esfuerzo para que yo pueda culminar mis estudios universitarios.

A la Bqf. Jessica Ilenia Valdivieso Tituana, directora de mi Trabajo de Integración Curricular, por ser mi guía durante todo el proceso para la culminación de mi estudio desde el principio hasta el final.

Al equipo docente de GISA (Grupo de Inocuidad y Sanidad Animal) por su apoyo durante todo el proceso de investigación y redacción de este trabajo.

A la Universidad Nacional de Loja, la Facultad Agropecuaria y de Recursos Naturales Renovables, a la carrera de Medicina Veterinaria y a todos los docentes que la integran, gracias por brindarme sus conocimientos.

John Steven Cabrera Soto

Índice de contenidos

Portada.....	i
Certificación.....	ii
Autoría.....	iii
Carta de autorización.....	iv
Dedicatoria.....	v
Agradecimiento.....	vi
Índice de contenidos.....	vii
Índice de tablas.....	ix
Índice de figuras.....	x
Índice de anexos.....	xi
1. Título.....	1
2. Resumen.....	2
Abstract... ..	3
3. Introducción.....	4
4. Marco Teórico.....	6
4.1. Granjas Porcinas.....	6
4.1.1. <i>Producción Porcina en Ecuador.....</i>	<i>6</i>
4.1.2. <i>Producción Porcina en la Provincia de Loja.....</i>	<i>6</i>
4.2. Sistemas de Producción Porcina.....	7
4.3. Microbiota.....	7
4.4. Bacterias Gram positivas en el tracto digestivo del Cerdo.....	8
4.7. Influencia de Microorganismos Gram Positivos en la Salud Pública.....	9
4.7.1. <i>Beneficiosos.....</i>	<i>9</i>
4.7.2. <i>Patógenos.....</i>	<i>10</i>
4.8. Métodos de identificación de Bacterias Gram Positivas.....	11
4.9. Técnicas de Tratamiento de Heces.....	11
4.9.1. <i>Coprocultivo.....</i>	<i>11</i>
4.9.2. <i>Examen Directo.....</i>	<i>11</i>

4.9.3. <i>Hisopado Rectal</i>	11
4.10. Estudios Relacionados a Microbiota Porcina	12
5. Metodología.....	13
5.1. Área de Estudio	13
5.2. Procedimiento	13
5.2.1. <i>Enfoque metodológico</i>	13
5.2.2. <i>Diseño de la investigación</i>	13
5.2.3. <i>Tamaño de la muestra y tipo de muestreo</i>	13
5.2.4. <i>Técnicas</i>	14
5.2.4.1. <i>Fase de Campo</i>	14
5.2.4.2. <i>Análisis de Laboratorio</i>	14
5.2.5. <i>Variables de estudio</i>	15
5.2.6. <i>Procesamiento y análisis de la información</i>	15
5.2.7. <i>Consideraciones éticas</i>	15
6. Resultados	16
7. Discusión	21
8. Conclusiones	28
9. Recomendaciones	29
10. Bibliografía	30
11. Anexos	36

Índice de tablas

Tabla 1.	Sistemas de producción porcina.....	7
Tabla 2.	Géneros de bacterias Gram positivas	8
Tabla 3.	Métodos de identificación de Bacterias Gram Positivas.....	11
Tabla 4.	Características de las granjas porcinas.....	16
Tabla 5.	Categorías de los porcinos en las granjas	17
Tabla 6.	Agares con presencia de microorganismos.....	17
Tabla 7.	Bacterias aisladas en las granjas porcinas del cantón Loja.....	17
Tabla 8.	Bacterias presentes en las categorías porcinas.....	18
Tabla 9.	Recuento de <i>Lactobacillus</i>	18
Tabla 10.	Chi-cuadrado de <i>Micrococcus</i> spp.....	19

Índice de figuras

Figura 1. Ubicación geográfica de las granjas del cantón Loja	13
Figura 2. Dendrograma	20

Índice de anexos

Anexo 1. Diagrama de flujo de identificación de bacterias Gram positivas	36
Anexo 2. Recuento de Lactobacilos	37
Anexo 3. Tabla de Variables	38
Anexo 4. Trabajo en laboratorio	39
Anexo 5. Certificación de traducción de inglés	40

1. Título

Caracterización de bacterias Gram positivas, presentes en heces de porcinos en granjas del cantón Loja

2. Resumen

El estudio del microbiota es importante ya que ejerce un papel imprescindible en el mantenimiento de la salud intestinal, un desequilibrio de esta puede contribuir a generar enfermedades en los cerdos; durante los últimos años en el ganado porcino han adquirido especial relevancia los problemas gastrointestinales no específicos asociados a las alteraciones de la microbiota denominadas disbiosis, por lo cual el presente trabajo se planteó como objetivo general caracterizar las bacterias Gram positivas presentes en heces de porcinos del cantón Loja; se evaluó 30 granjas, observándose una mayor incidencia de dieta de lavaza y balanceado con alta prevalencia de problemas gastrointestinales; se examinaron pools de las muestras recogidas donde se identificó tres géneros de bacterias: *Staphylococcus spp*, *Micrococcus spp* y *Bacillus spp*. En el recuento de *Lactobacillus spp*, se obtuvo un valor promedio de $7,89 \times 10^{11}$ y $6,04 \times 10^{12}$ UFC/ml. La prueba de chi-cuadrado mostro un p valor estadísticamente significativo (0,022) entre la limpieza de las granjas con la presencia de *Micrococcus spp* y se observó 4 grupos de características similares en el dendrograma. Las bacterias aisladas pueden ser microorganismos beneficiosos pero la proliferación descontrolada puede llegar a ser patógena por factores externos como la edad, alimentación, el estrés, higiene; que puede afectar la salud y el rendimiento de los animales.

Palabras clave: Microbiota, cerdos, bacterias, Gram positivos, *Lactobacillus spp*.

Abstract

The study of microbiota is essential due to its important role in preserving intestinal health. Any imbalance within the microbiota may increase the risk of disease development in pigs. In recent years, non-specific gastrointestinal problems associated with microbiota alterations, known as dysbiosis, have become increasingly important in pig production. Consequently, this study is designed to characterize the Gram-positive bacteria present in the feces of pigs in the Loja canton. A total of thirty farms are studied and a higher incidence of gastrointestinal problems is observed in farms using diets based on garbage feeding and balanced diets. Pooled samples collected during the study are analyzed, identifying three bacterial genera: *Staphylococcus* spp., *Micrococcus* spp., and *Bacillus* spp. The number of *Lactobacillus* spp. show average values of 7.89×10^{11} and 6.04×10^{12} CFU/ml respectively. The Chi-square test showed a statistically significant p-value (0.022) between farm hygiene practices and the presence of *Micrococcus* spp. Furthermore, the dendrogram identified four clusters with similar characteristics. Isolated bacteria can serve as beneficial microorganisms; however, uncontrolled proliferation may result in pathogenicity due to external factors such as age, diet, stress, and hygiene, which can negatively impact animal health and performance.

Keywords: microbiota, pigs, bacteria, Gram-positive, *Lactobacillus* spp.

3. Introducción

La microbiota del tracto gastrointestinal de los cerdos está compuesta por todo un conjunto de microorganismos diversos y complejos (Luo et al., 2022). Estos microorganismos conviven en relación simbiótica con el individuo ejerciendo funciones nutricionales, metabólicas y de protección que la convierten en indispensable (Schokker et al., 2014).

Las bacterias Gram positivas forman parte de la microbiota digestiva de los cerdos comenzando la colonización durante el parto. Los géneros de bacterias que forman parte de la microbiota son los *Lactobacillus* spp, *Clostridium* spp, *Eubacterium* spp, *Propionibacterium* spp, así como varias bacterias anaeróbicas del grupo *Streptococcus*. Estos microorganismos pueden ser beneficiosos, oportunistas o potencialmente patógenos y se mantienen en un equilibrio más o menos estable (Miranda., 2008).

En la actualidad los problemas gastrointestinales no específicos han adquirido especial relevancia y se asocian a alteraciones de la microbiota denominadas disbiosis., el control de estas infecciones digestivas en porcinos se basa en el uso de agentes antimicrobianos, sin embargo la legislación prohíbe su uso con fines profilácticos. Por lo tanto, es necesario implementar nuevas opciones terapéuticas como los cambios en la dieta, el empleo de extractos vegetales o de probióticos y prebióticos que restauren o corrijan los desequilibrios de la microbiota intestinal. No obstante, antes de emplear nuevas estrategias de control es fundamental ampliar el conocimiento sobre la microbiota digestiva y desarrollar herramientas que puedan evaluar de manera sistemática y eficiente su composición en condiciones de campo (Miranda., 2018).

Actualmente en el cantón Loja, no se encuentra estudios relacionados a la microbiota de los cerdos, por tanto, no se conoce si estas bacterias pertenecen a la microbiota normal o si se encuentra alterada por algún tipo de patógeno. Conocer la microbiota intestinal es de gran interés porque permite conocer el estado de salud y los factores que la modifican y que pueden llevar a este micro ecosistema a un desequilibrio y por tanto a un estado patológico del individuo (Suchodolski., 2021).

El microbioma intestinal porcino está impulsado por múltiples factores, como la genética del huésped, la edad, la dieta, el medio ambiente, el peso corporal, la salud y los antibióticos, aunque la dieta es el factor más importante que da forma al microbioma intestinal porcino (Wang et al., 2019)

Este trabajo pretende profundizar en el conocimiento del proceso digestivo en la especie porcina, específicamente en la composición de la microbiota intestinal enfocadas

a bacterias Gram positivas que pueblan el tracto digestivo a lo largo de la vida de los cerdos, mediante la técnica del coprocultivo. Por todo esto, se planteó como objetivo general Caracterizar las bacterias Gram positivas presentes en heces de porcinos del cantón Loja.

4. Marco Teórico

4.1. Granjas Porcinas

4.1.1. Producción Porcina en Ecuador

La Asociación de Porcicultores en Ecuador ASPE (2019), indica que producción de cerdos genera ingresos a pequeña y grande escala, siendo el sistema que más se maneja el extensivo, que es poco tecnificado, con razas criollas o mestizas; estos animales tienen índices bajos en cuanto al manejo productivo y reproductivo. En Ecuador la producción porcícola ocupa el segundo lugar, con 0,9 millones de cabezas; del total de ganado porcino, el 46,3 % es de raza (Asociación de bancos privados del Ecuador., 2022).

La producción porcina en el Ecuador se da mayormente en granjas familiares o traspatio, no obstante, se ha aumentado y tecnificado con el pasar del tiempo logrando producir más de 30 000 Tm/año, con un consumo per cápita de 10 kg/persona/año (ASPE, 2019). Según el Instituto Nacional de Estadística y Censo (INEC., 2017), existen un total de 1 737 granjas, estando el 79% concentradas en la Costa y Sierra, estas dos regiones tienen el 95% de la población total de cerdos del Ecuador, además cada granja cuenta con un total de 20 o más cerdos y cinco hembras para reproductoras.

La porcicultura en el país se realiza en base a tres categorías: un nivel familiar o casero con 85% del total, el semi industrial con 4,8% y un nivel industrial con el 10,2% (Espinoza., 2012).

4.1.2. Producción Porcina en la Provincia de Loja

En la provincia de Loja, según el INEC (2002) existe un total de 137 902 cabezas de ganado porcino de las cuales el cantón Loja posee el 14%. Entre las principales clases de ganado porcino se encuentran: criollo en un 90%, mestizo 9% y pura sangre 1%; sin embargo, esta producción se redujo para 2022 ya que cuenta con 28.651 cerdos, siendo la tercera especie más producida, por detrás del ganado bovino y ovino (ESPAC., 2022)

En el cantón Loja, según Samaniego (2014) el sistema de explotación porcina que predomina es el extensivo con el 52.25 % seguido del semi intensivo con el 45.25%. La modalidad de producción era el 84% para engorde. El 67% de productores adquiere el pie de cría dentro del cantón y el 32% fuera del cantón; el 52% de animales era de raza mestiza. Las instalaciones porcinas eran el 36% mixtas, de cemento y madera (Samaniego., 2014).

La alimentación en el 88% de predios del cantón Loja, el consumo de alimentos era restringido y el 63% de alimentación complementaria a base de desechos de cocina.

En el área sanitaria el 64% de productores aplicaba técnicas para la prevención de enfermedades, el 88% desparasita a los porcinos, las enfermedades más frecuentes son: diarrea 55%⁹, neumonía 24% y mal de pezuñas 21%. Para el tratamiento de las enfermedades el 72% de los porcicultores utilizaban antibióticos, el 65% de porcicultores realiza la desinfección de las instalaciones (Samaniego., 2014).

4.2. Sistemas de Producción Porcina

Los sistemas de producción se definen por la forma de crianza y manejo de los cerdos al igual que en otras especies pecuarias, se toman en cuenta la cantidad de tierra utilizada, capital, alimento suministrado, mano de obra y tecnología aplicada (Abarca., 2018; Vera., 2022).

Tabla 1. Sistemas de producción porcina

Sistemas de Producción Porcina	Características
Sistema Familiar:	Es un sistema de producción pequeño que cuenta con 2 o 5 cerdos, infraestructura básica y donde el animal vive en el campo. El sistema de crianza familiar, ocupa menos inversión económica por los bajos insumos que se les provee, además se aprovecha la rusticidad.
Sistema comercial	En este sistema, la producción está orientado a la venta produciéndose de 31 a 300 cerdos. La mano de obra es tonto familiar como externa; su infraestructura es básica-tecnificada; la bioseguridad va de media a alta, y para la alimentación compran los balanceados o tienen planta propia
Sistema Industrial	Cuenta con más de 300 cerdos, la mano de obra es externa-especializada, infraestructura Alta tecnificada, bioseguridad Alta-especializada y tienen para la alimentación planta propia.

Nota. Adaptado de Agencia de Regulación y Control Fito y Zoonosanitario (2021)

4.3. Microbiota

La microbiota intestinal de los animales consta de una gran variedad de microorganismos (Roca, 2008), constituyendo un conjunto de microorganismos como virus, bacterias, protozoos arqueas, hongos (Miranda., 2008). La microbiota convive en una relación simbiótica con el individuo ejerciendo funciones nutricionales, metabólicas y de protección que la convierten en indispensable (Schokker et al., 2014).

Las bacterias forman parte de la microbiota intestinal y se dividen en especies que tienen efectos benéficos y otras bacterias que pueden ser patógenas (Giraldo, Narváez, & Díaz., 2015).

De acuerdo a Swords., 1993; Roca., 2008 el tracto gastrointestinal del cerdo es prácticamente estéril hasta el nacimiento y es durante el parto cuando empieza el proceso de colonización, consta de 3 etapas diferentes.

-La primera etapa comienza inmediatamente después del parto y finaliza al culminar la primera semana de edad,

-La segunda fase, abarca desde finales de la primera semana de vida hasta finales de la fase de lactación.

-Finalmente, la tercera fase comienza en el momento del destete.

4.4. Bacterias Gram positivas en el tracto digestivo del Cerdo.

Las bacterias grampositivas se clasificadas por el color que adquieren en el método de tinción, que les da un color azul cuando se observan al microscopio y comprenden cocos, bacilos o filamentos ramificados (Sizar et al., 2023).

Tabla 2. Géneros de bacterias Gram positivas

Géneros/Características	Especies	Beneficiosas/patógenas
<i>Lactobacillus</i> spp. Son bacterias grampositivas, catalasa negativa, no formadoras de esporas, con forma de bastón.	Entre las principales especies están: <i>L. acidophilus</i> , <i>L. brevis</i> , <i>L. crispatus</i> , <i>L. fermentum</i> , <i>L. reuteri</i> , <i>L. salivarius</i> , <i>L. plantarum</i> , <i>L. agilis</i> , <i>L. amylovorus</i> , <i>L. johnsonii</i> , <i>L. delbrueckii</i> .	En la primera fase de colonización del tracto gastrointestinal, representan el 8-10% del total de la población microbiana. Los <i>Lactobacillus</i> cumplen funciones importantes en la mejora del metabolismo energético de los cerdos, mantienen las funciones fisiológicas e integrales de el TGI y modulan las respuestas inmunes.
<i>Clostridium</i> spp. Son bacilos formadores de esporas Gram-positivos, en su mayoría catalasa-positivos, que pueden ser móviles, anaerobios	Las especies que se encuentran comúnmente en tracto digestivo del cerdo estan: <i>C. putrificum</i> , <i>C. welchii</i> , <i>C. perfringens</i> .	<i>Clostridium difficile</i> tiene alta prevalencia en los primeros meses de vida causando diarreas, puede colonizar porcinos de forma subclínica Otras especies: <i>C. perfringens</i> tipo C y <i>C. perfringens</i> tipo A: Afectan a los lechones durante la primera semana de vida causando diarreas.
<i>Eubacterium</i> spp. Bacilos grampositivos, no formadores de esporas, estrictamente anaerobios, Pueden ser móviles o inmóviles.	Entre las especies que se encuentran en el tracto gastrointestinal están: <i>E. tenue</i> , <i>E. lentum</i> , <i>E. cylindroids</i> , <i>E. rectal</i> .	Algunos miembros de este género producen butirato, que desempeña un papel clave en la homeostasis energética, la motilidad del colon, la inmunomodulación y la supresión de la inflamación intestinal.

<p><i>Streptococcus spp.</i> Bacterias Gram positivas, anaerobias facultativas, inmóviles, tienen forma de coco, se agrupan formando cadenas de dos o más bacterias.</p>	<p>Las especies más prevalentes en el tracto gastrointestinal son: <i>S. salivarius</i>, <i>S. bovis</i>, <i>S. morbillorum</i>, <i>S. intermedius</i>, <i>S. durans</i>, <i>S. equines</i>, <i>S. intestinalis</i>.</p>	<p>Una de las especies <i>Streptococcus suis</i>, se asocia con una variedad de afecciones, que incluyen meningitis, sepsis, poliserositis, artritis, endocarditis y neumonía; no obstante, se ha aislado en algunos casos de rinitis y abortos.</p>
<p><i>Bacillus</i> Tienen forma de bastón, forman esporas, en su mayoría son catalasa-positivos, pueden ser móviles e inmóviles.</p>	<p>Entre las especies más comunes están <i>B. subtilis</i>, <i>B. licheniformis</i>, <i>B. velezensis</i>, <i>B. coagulans</i> y <i>B. amyloliquefaciens</i>.</p>	<p>Las especies de <i>Bacillus</i> tienen una actividad de amplio espectro contra los microbios, porque producen múltiples metabolitos antimicrobianos, principalmente péptidos antimicrobianos y policétidos.</p>
<p><i>Staphylococcus</i> Son células esféricas, dispuestas en racimos, no son móviles y no forman esporas.</p>	<p>Las especies en la microbiota digestiva del cerdo son <i>Staphylococcus epidermidis</i>, <i>Staphylococcus hominis</i>, <i>Staphylococcus cohnii</i>.</p>	<p><i>Staphylococcus aureus</i>: puede ser causa de trastornos gastrointestinales, debido a la producción de enterotoxinas que provocan vómitos, diarrea.</p>

Nota. Adaptado de Ibrahim (2016); Stewart (1999), citado por Macias (2008); Miranda & Rojo (2010); Andino & Quesada (2022); Trujillo et al. (2021); Ludwig (1992); Mukherjee et al. (2020); Instituto Nacional de Seguridad y Salud en el Trab (2022); Alarcón (2012); Carroll et al. (2016); Logan & Vos (2015); Chen et al. (2019); Wylensek et al. (2020); Johler et al. (2011); Valeriano et al. (2017).

4.7. Influencia de Microorganismos Gram Positivos en la Salud Pública

4.7.1. Beneficiosos

Entre las bacterias que son beneficiosas se incluyen las bacterias lácticas, algunas de las cuales se consideran probióticas; estas secretan varios metabolitos como: vitaminas y algunos polisacáridos conocidos como prebióticos, que actúan potenciando el desarrollo del microbiota beneficioso en el tracto gastrointestinal y también pueden tener efectos inmunomoduladores (López., 2022).

Lactobacillus acidophilus tiene algunos beneficios ya que se adhiere al epitelio intestinal humano, mantiene el equilibrio del microbiota intestinal y mejora la respuesta inmune. Otras bacterias como *Bacillus subtilis* es utilizada para bacterioterapia oral, restaura la microbiota normal y aumenta la capacidad del sistema inmunitario de combatir las infecciones y las enfermedades (Salminen., et al; 1998)

4.7.2. Patógenos

Entre los microorganismos Gram positivos que afectan la salud pública está: *Clostridium difficile* que se ha estudiado en diversas especies animales como porcinos y bovinos, confirmando la presencia. Hay hipótesis sobre una posible fuente de infección zoonótica, sin embargo, aún se encuentra en discusión (Andino & Quesada., 2022).

Streptococcus suis es un importante patógeno de cerdos y ocasionalmente afecta a humanos, la infección se produce principalmente en trabajadores relacionados con la cría de cerdos ya que es una enfermedad zoonótica y puede manifestarse como una meningitis purulenta, shock séptico, falla multiorgánica, endocarditis, neumonía, artritis o peritonitis (Alarcón., 2012)

Los *Staphylococcus aureus* pueden ocasionar intoxicación en las personas producidas por toxinas, originando diarrea y vómitos (Gotfried., 2023). Existen informes que los cerdos son frecuentemente colonizados por *S. aureus*, estas cepas pueden transmitirse a las personas que entran en contacto con estos animales (Grøntvedt et al., 2016). El aire, el polvo y las superficies en contacto con los alimentos también pueden servir como vehículos en la transferencia de *S. aureus* a los alimentos.

Las investigaciones sobre *S. aureus* asociado al ganado porcino se informaron por primera vez a inicios de la década de 2000 en Francia y los Países Bajos (Armand et al., 2005; Voss et al, 2005). También se ha reportado a lo largo de los años, en Europa, Asia, América y Australia (Van Cleef et al., 2011; Groves et al., 2014; Chuang & Huang., 2015). Según informes demostraron la posibilidad de transmisión de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina entre cerdos y criadores de cerdos y sus familias, y entre una enfermera y un paciente (Voss et. al, 2005).

Dweba (2019) en un estudio realizado en Sudáfrica en cerdos encontró *S. aureus* en muestras de hisopos orales, fecales, cloacales y ambientales mediante técnicas fenotípica y molecular, la prevalencia fue del 55%.

4.8. Métodos de identificación de Bacterias Gram Positivas

Tabla 3. Métodos de identificación de Bacterias Gram Positivas

Métodos fenotípicos	La identificación fenotípica bacteriana se basa en las características observables, como morfología, desarrollo, propiedades bioquímicas y metabólicas.	El cultivo se mantiene como el método diagnóstico de elección; permite aislar e identificar microorganismos.
Métodos moleculares	Esta prueba utiliza generalmente el análisis de la secuencia génica del ARNr 16S, marcador presente en todas las bacterias como una familia de multigenes u operones cuya función no se modifica con el tiempo y actúa como un marcador eficiente de evolución.	Prueba PCR
Métodos proteómicos de identificación bacteriana	Se basan en el estudio y caracterización del conjunto de proteínas expresadas por un genoma.	Las técnicas de proteoma más usadas se basan en la espectrometría de masas y la electroforesis.

Nota. Adaptado de Bou, et al. (2011).

4.9. Técnicas de Tratamiento de Heces

4.9.1. Coprocultivo

Un cultivo de heces se usa para detectar la presencia de bacterias que causan enfermedades y ayudar a diagnosticar una infección del sistema digestivo (Testing., 2021).

4.9.2. Examen Directo

Observación directa de la muestra: Es posible observar bacterias mediante frotis fecal, examinado microscópicamente, con tinción de Gram para saber si es positivo o negativo, así como también su morfología y agrupación (Purificación., 2021).

4.9.3. Hisopado Rectal

Los hisopados rectales son un tipo de muestra alternativas para estudiar el desarrollo del microbioma porcino en las primeras etapas de la vida, cuando el muestreo de heces es un desafío ya que no es el apropiado en todas las situaciones, especialmente dada la posible dificultad de obtener heces frescas de animales jóvenes. (Choudhury et al, 2019).

4.10. Estudios Relacionados a Microbiota Porcina

La microbiota digestiva no permanece constante durante la vida del animal sino que cambia hasta llegar a la edad adulta (Odamaki et al., 2016). En los cambios influyen varios factores como la microbiota de la madre, la dieta, el ambiente entre otros. Los cerdos obtienen gran parte de su microbiota de su madre y del ambiente en el que viven durante los primeros días de vida (Quilodrán et al., 2016; Sommer., 2015; Chen et al., 2018).

De acuerdo a Swords y colaboradores (1993) la colonización del tracto digestivo de los cerdos se divide en 3 fases principales, la fase inicial va desde el parto hasta la primera semana de edad, encontrándose bacterias como *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Clostridium*. El grupo de *Lactobacillus spp* son los más abundantes en esta fase, pudiendo constituir un 8-10% del total de la población microbiana (Swords et al., 1993)

En la segunda fase que se da durante la lactación de los lechones, existe gran abundancia de *Lactobacillus* y *Streptococcus*, aunque también están presentes *Clostridium*, *Bifidobacterias*, en menor número (Tajima & Aminov., 2015). La tercera fase, comienza con el destete, donde los lechones se ven sometidos a situaciones de estrés causado por la separación de la madre, el cambio de ambiente y la alimentación, pasando de una dieta láctea a una dieta sólida, hecho que contribuye al incremento de la diversidad de la microbiota, encontrándose bacterias como *Clostridium*, *Ruminococcus*. (Inoue et al., 2005; Chen et al., 2017).

Tras esta última fase de grandes cambios, la microbiota se va haciendo estable, disminuyendo la cantidad de *Bacteroidetes* e incrementándose la de *Firmicutes* (Kim et al., 2011). Estos dos filos constituyen más del 90 % de la diversidad de la microbiota en los cerdos adultos (Tajima & Aminov., 2015).

5. Metodología

5.1. Área de Estudio

El estudio se realizará en el cantón Loja, tiene una altitud de 2 100 y 2 135 msnm, con temperatura ambiental que va de 16 - 21°C y su superficie aproximada es de 1.928 km².

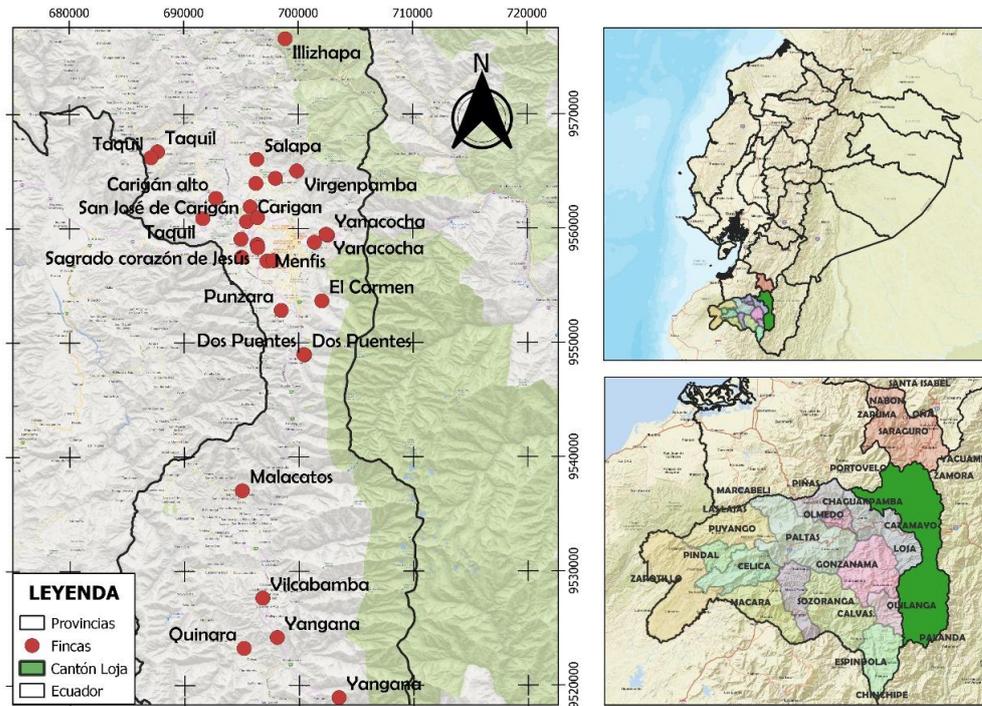


Figura 1. Ubicación geográfica de las granjas porcinas del cantón Loja

5.2. Procedimiento

5.2.1. Enfoque metodológico

Cuantitativo

5.2.2. Diseño de la investigación

Estudio observacional-descriptivo de corte transversal

5.2.3. Tamaño de la muestra y tipo de muestreo

Se estudio una población de 30 granjas porcícolas del cantón Loja, distribuidos en 24 granjas familiares y 6 granjas comerciales. Las muestras se recolectaron dependiendo del tipo de granja, sea comercial o familiar, según el número de animales por granja y en base de datos de la Asociación de Porcicultores del Ecuador. Además, el tipo de muestreo fue por conveniencia no probabilístico.

5.2.4. Técnicas

La investigación posee dos fases: una de campo y la otra sobre el análisis de laboratorio (Anexo 1).

5.2.4.1. Fase de Campo

- **Toma y transporte de muestras**

Para la elaboración de este proyecto se procedió a recolectar las muestras de heces y se colocaron en envases herméticos previamente rotulados, las muestras fueron transportadas a una temperatura de 2 - 8°C (Anexo1).

5.2.4.2. Análisis de Laboratorio

- **Preparación de la muestra**

Se realizaron pools de heces en agua peptonada, y luego se procedió a incubar a una temperatura de 37 °C por 18-24 horas, seguido a esto se realizó diluciones seriadas a 10⁻¹⁰ (Anexo 1).

- **Cultivos de agares selectivos y diferenciales para Gram Positivos**

Se realizó el inóculo de la dilución madre y la dilución seriada para el aislamiento e identificación de bacterias Gram positivas; para ello se empleó la dilución seriada 10⁻², y para la siembra se utilizó la técnica de estriado por agotamiento, se procedió a incubar a una temperatura de 37°C durante 18-24 horas. Los medios que se utilizaron fueron agar sangre, agar sal manitol. Posteriormente se interpretó basándose en las características macroscópicas de las colonias (Anexo1).

- **Identificación por pruebas bioquímicas**

Para la identificación se realizaron pruebas de coagulasa, catalasa, oxidasa.

- **Recuento de *Lactobacillus spp.***

Se hizo el fundido en placas monopetri, con diluciones 10⁻⁹ y 10⁻¹⁰ en agar MRS, luego se incubó a una temperatura de 37 °C por 18 a 24 horas, por último, se realizó el recuento de colonias por medio de un contador digital de colonias bacterianas (Anexo 1).

- **Fórmula para contabilizar *Lactobacillus spp***

CFU/ml= $\frac{\text{Numero de colonias} \times \text{Factor de dilución}}{\text{Volumen inoculado}}$

5.2.5. Variables de estudio

Identificación de microorganismos

- Bacterias Gram positivas

Pruebas bioquímicas

- Catalasa
- Oxidasa
- Coagulasa

5.2.6. Procesamiento y análisis de la información

Se utilizaron tablas de frecuencia absoluta y relativa, basándose en la presencia o ausencia de los microorganismos reconocidos para realizar una estadística descriptiva. También se utilizó una prueba estadística de Chi-cuadrado, considerando un p valor de menor o igual a 0,05 como estadísticamente significativo.

5.2.7. Consideraciones éticas

Primero se consiguió el consentimiento informado de los dueños de las granjas antes de recolectar muestras de heces de los porcinos, explicándoles detalladamente el propósito y la metodología de la investigación. Por otro lado, se precauteló el bienestar animal al momento de la recolección, previniendo el estrés y malestar en los cerdos.

6. Resultados

Se evaluaron 30 granjas porcinas del cantón Loja y se caracterizaron mediante encuestas (Tabla 4).

El sistema de crianza con mayor porcentaje es el familiar con el 80%, la alimentación que les proporcionan más comúnmente es lavaza y balanceado con el 66,7 %, la limpieza es del 86 % y se realiza más de 4 veces al año (Tabla 4).

Las enfermedades más prevalentes en el cantón Loja son las gastrointestinales con un 33,3 %, seguida de las enfermedades respiratorias 20 % y reproductivas 13,3 %.

Los medicamentos más utilizados son Hierro y vitaminas 30 %, seguido de antibióticos betalactámicos 26,7% (Tabla 4).

Tabla 4. Características de las granjas porcinas

Características	N	%
Sistema de crianza		
Familiar	24	80
Comercial	6	20
Alimentación		
Balanceado	5	16,7
Lavaza y balanceado	20	66,7
Maíz y balanceado	5	16,7
Limpieza		
<4 veces año	4	13,3
>4 veces año	26	86,7
Enfermedades		
Gastrointestinales	10	33,3
Reproductivos	4	13,3
Respiratorios	6	20
Otras enfermedades	3	10
Ningún problema de enfermedad	7	23,3
Medicamentos		
Betalactámicos	8	26,7
Hierro y vitaminas	9	30
Sulfonamidas y tetraciclinas	4	13,3
Sulfonamidas, tetraciclinas y betalactámicos	2	6,7
Tetraciclinas	2	6,7
Tetraciclinas y betalactámicos	5	16,7

Dentro de las granjas porcinas se encontraron las categorías: cerdas madres 49 %, engorde el 33 %, lechones destetados 12 % y verracos en un 7% (Tabla 5).

Tabla 5. *Categorías de los porcinos en las granjas*

Categorías	N	%
Lechones destetados	5	12
Engorde	14	33
Madres	21	49
Verracos	3	7
Total	43	100

Se realizaron pools de acuerdo a las categorías que se muestran en la tabla 2, donde se obtuvieron 43 muestras, de estas las inoculadas en agar sangre se observó crecimiento del 100 %, mientras que en agar sal manitol el 30,2 % (Tabla 6)

Se realizó la identificación mediante tinción Gram para verificar la presencia de microorganismos Gram positivos.

Tabla 6. *Medios de cultivo para Gram positivos*

Agares	N. de Cultivos	Cultivos con crecimiento	%
Agar sangre	43	43	100
Agar sal manitol	43	13	30,2

De las 43 muestras inoculadas en agar sangre, 1 muestra fue Gram negativa a la tinción de Gram perteneciente al pool de la granja 17 madre, por lo tanto, no fue considerada.

El género de bacterias *Bacillus* spp fueron las más aisladas con 60 %, seguida de *Micrococcus* spp 20 % y *Staphylococcus* coagulasa negativa 17,5 % (Tabla 7). Se observó 3 positivos a *Lactobacillus* en tinción de Gram por tanto no se tomaron en cuenta ya que se realizó un recuento general de los mismos (tabla 9).

Tabla 7. *Bacterias aisladas en las granjas porcinas del cantón Loja*

Bacterias	N	%
<i>Staphylococcus</i> coagulasa negativa	7	17,5
<i>Staphylococcus aureus</i>	1	2,5
<i>Micrococcus</i> spp	8	20
<i>Bacillus</i> spp	24	60
Total	40	100

Bacillus spp., se identificó dentro de todas las categorías porcinas, a diferencia de *Staphylococcus aureus* que solo se encontró en cerdas madres (Tabla 8).

Staphylococcus coagulasa negativa se encontraron en tres de las cuatro categorías: engorde, madres, verracos y *Micrococcus* spp. se encontraron en lechones destetados, engorde y madres (Tabla 8).

Tabla 8. Bacterias presentes en las categorías porcinas

Lechones destetados		
Bacterias	N	%
<i>Micrococcus</i> spp	2	50
<i>Bacillus</i> spp	2	50
Total	4	100
Engorde		
<i>Staphylococcus coagulasa</i> negativa	3	25
<i>Micrococcus</i> spp	1	8,3
<i>Bacillus</i> spp	8	66,7
Total	12	100
Madres		
<i>Staphylococcus coagulasa</i> negativa	3	14,3
<i>Staphylococcus aureus</i>	1	4,8
<i>Micrococcus</i> spp	5	23,8
<i>Bacillus</i> spp	12	57,1
Total	21	100
Verraco		
<i>Staphylococcus coagulasa</i> negativa	1	33,3
<i>Bacillus</i> spp	2	66,6
Total	3	100

En el recuento de bacterias del género *Lactobacillus* spp., en las diferentes categorías porcinas evaluadas, alcanzó valores promedio entre $7,89 \times 10^{11}$ y $6,04 \times 10^{12}$ UFC/ml en las diluciones del 10^{-9} y 10^{-10} (Tabla 9)

Tabla 9. Recuento de *Lactobacillus*

Categorías	10^{-9}	10^{-10}
Lechones	7,52E+11	6,98E+12
Engorde	7,89E+11	6,87E+12
Madres	7,43E+11	6,38E+12
Verracos	6,64E+11	6,04E+12

En el análisis de la tabla para el chi-cuadrado, se obtuvo un p valor estadísticamente significativo del 0,022 con la asociación de *Micrococcus* spp y la limpieza. (Tabla 10)

Tabla 10. Chi-cuadrado de *Micrococcus spp*

Características	<i>Micrococcus spp</i>		P
	Ausencia N (%)	Presencia N (%)	
Sistema de crianza			0,724
Familiar	17 (73,9)	6 (26,1)	
Comercial	4 (66,7)	2 (33,3)	
Alimentación			0,121
Balanceado	4 (100,0)	0 (0,0)	
Lavaza y Balanceado	15 (75,0)	5 (25,0)	
Maíz y Balanceado	2 (40,0)	3 (60,0)	
Limpieza			0,022
< 4veces año	1 (25,0)	3 (75,0)	
> 4veces año	20 (80,0)	5 (20,0)	
Enfermedades			0,623
Gastrointestinal	7 (77,8)	2 (22,2)	
Reproductivos	4 (100,0)	0 (0,0)	
Respiratorios	4 (66,7)	2 (33,3)	
Otras enfermedades	2 (66,7)	1 (33,3)	
Ningún problema de enfermedad	4 (57,1)	3 (42,9)	
Medicamentos			0,113
Betalactámicos	5 (62,5)	3 (37,5)	
Hierro y Vitaminas	8 (88,9)	1 (11,1)	
Sulfonamidas y Tetraciclinas	3 (75,0)	1 (25,0)	
Sulfonamidas, Tetraciclinas y Betalactámicos	0 (0,0)	2 (100,0)	
Tetraciclinas	1 (50,0)	1 (50,0)	
Tetraciclinas y Betalactámicos	4 (100,0)	0 (0,0)	

En el análisis del dendrograma, el primer grupo tiene similitud en el sistema de producción familiar, alimentación (lavaza y balanceado), junto con bacterias como *Micrococcus*, *Staphylococcus Coagulasa negativa*, *Staphylococcus aureus*. El segundo grupo, a diferencia del primero tiene su similitud en el sistema de producción comercial, limpieza frecuente, medicamentos (Betalactámicos), y presencia de *Bacillus*. El tercer grupo tiene un sistema de producción familiar, alimentación (lavaza y balanceado), limpieza frecuente, diferentes enfermedades y presencia de *Bacillus*. Por último, el cuarto grupo tiene su similitud en el sistema de producción familiar, limpieza frecuente, Medicamentos (Hierro y Vitaminas) y *Bacillus*. (Figura 2).

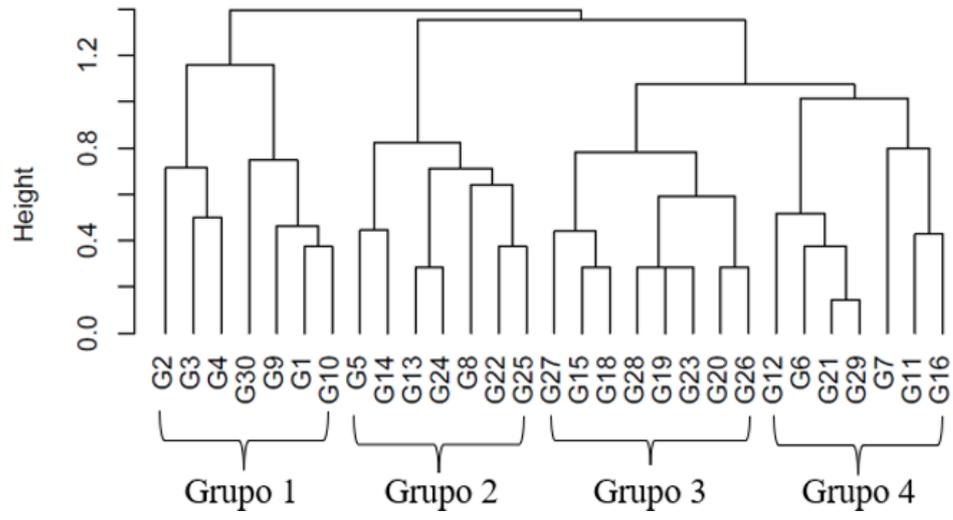


Figura 2. Dendrograma

7. Discusión

En este estudio realizado en 30 granjas porcinas del cantón Loja se observó que existe una mayor dominancia del sistema de crianza familiar siendo del 80 %, mientras que el 20 % restante corresponde al sistema de crianza comercial, esto concuerda con datos de Agrocalidad (2019) que menciona que en Ecuador predomina la crianza familiar con el 74,95 %; datos similares con Bolagay (2019) que indica que la producción porcícola se encuentra dividida en tres grandes grupos: uno a nivel casero con el 85 % del total, un nivel industrial con el 10,2 % y un nivel semi industrial que corresponde al 4,8 %.

El sistema de crianza familiar tiene muy bajas posibilidades de incorporar tecnología moderna y el mejoramiento genético; esto se debe a que la mayor parte de estas producciones son atendidas por campesinos con limitados recursos económicos, lo que repercute sobre el tamaño de las granjas (Montesdeoca, 2017). Este tipo de crianza influye en la composición de la microbiota, demostrando el impacto del entorno de cría en la microbiota de lechones para los géneros *Oscillospira*, *Megasphaera*, *Parabacteroides*, y *Corynebacterium*, que difiere entre cerdos de diferentes granjas (Yanget et al., 2018).

La alimentación de los cerdos es comúnmente a base de lavasa y balanceado, estos resultados se corroboran a los de Agrocalidad (2021), que indica que la dieta de los cerdos en sistema de crianza familiar es en base a desperdicios de alimentos y compras, mientras que en sistema comercial se adquiere la alimentación.

Martínez et al. (2016) mencionan que la alimentación de cerdos en crianza familiar consiste primordialmente en subproductos agrícolas y desperdicios de cocina., algunas de las razones por las que no se suministra balanceados según Montesdeoca (2017) y García et al. (2019), son por los costos ya que no hay recursos económicos, además los centros de ventas de materias primas están muy distantes.

La alimentación con desperdicios ha provocado brotes de enfermedades en muchos países alrededor del mundo, lo cual ha impactado negativamente a la salud porcina, dificultando el control desencadenando un elevado costo (Departamento de Agricultura de EE. UU, 2019).

La intoxicación alimentaria es una de las enfermedades ocasionados tras ingestión de alimentos contaminados con microorganismos patógenos; según Jordá et al. (2012), el agente más común de la intoxicación alimentaria es *Staphylococcus aureus*, un microorganismo cuya presencia se asocia a la contaminación importada por los

procesadores de alimentos, el incumplimiento de las buenas prácticas de fabricación o el uso de materias primas contaminadas. Campuzano et al. (2015) mencionan que la intoxicación se caracteriza por vómitos violentos y diarrea severa que ocurren de dos a ocho horas después de la ingestión de alimentos que contienen toda la gama de toxinas.

Los problemas gastrointestinales poseen una incidencia del 33 % en porcinos, siendo la principal enfermedad en granjas del cantón Loja, Samaniego (2014) y Yue et al. (2020) concuerdan que las enfermedades más prevalentes se presentan con diarrea; una excreción de heces que contienen exceso de líquido, que suele estar causada por diversos patógenos bacterianos, parasitarios; que proliferan en condiciones deficientes de higiene, alojamiento y alimentación.

La limpieza en las granjas del cantón Loja se realiza más de cuatro veces al año, Auria (2022) afirma que la limpieza y desinfección de las instalaciones de las granjas porcinas son esenciales para eliminar parcialmente los microorganismos, aunque no eliminan todos los virus y bacteria; lo que hace necesario centrarse en prevenir el acceso de enfermedades.

Los antibióticos promotores de crecimiento se han utilizado ampliamente en las dietas de lechones para controlar la incidencia de enfermedades de tracto gastrointestinales. Sin embargo, la adición de estos medicamentos ha ocasionado problemas de resistencia bacteriana, motivo por el cual se ha restringido el uso (Jensen et al., 2016; Pilote et al., 2019). Es así que se ha optado por nuevas estrategias como la adición de ácidos orgánicos, bacteriófagos, probióticos entre otras, que podrían inhibir o reducir el crecimiento de bacterias patógenas (Canibe et al., 2022).

Los medicamentos más utilizados en este estudio fueron hierro y vitaminas 30 %. Mazgaj et al. (2024) resaltan la importancia del uso de hierro en cerdos, sobre todo en lechones, ya que la deficiencia se asocia a un mayor riesgo de anemia, considerando que el lechón nace con escasez de hierro corporal., el requerimiento diario de hierro para lechones en las primeras semanas de vida es de aproximadamente 7 a 18 mg de hierro.

Chen et al. (2020) señala que el exceso de hierro en la dieta aumenta la incidencia de diarrea, altera la microbiota intestinal y afecta las respuestas inmunitarias del intestino. García et al. (2008) menciona que el hierro tiene efectos negativos sobre la microbiota digestiva ya que reduce la concentración de *Lactobacillus*, produciéndose un incremento de otras bacterias patógenas. Kortman et al. (2014) indican que algunas bacterias gramnegativas, como *Salmonella*, *Shigella* y *E. coli*, requieren hierro para su virulencia y colonización. Ding et al. (2020) en un estudio reciente informó que el aumento de hierro

en la dieta, disminuyó bacterias como *Clostridium*, *Faecalibacterium* y *Prevotellaceae*, y aumentó *Desulfovibrio* y *Anaerovibrio* en el ciego de los lechones (Ding et al., 2020). Por tanto, estos estudios resaltan la influencia del hierro en la regulación de las bacterias intestinales.

Isaacson et al. (2012) mencionan que las bacterias que han evolucionado en simbiosis con el cerdo, se conocen como bacterias autóctonas, y por tanto buenas, ya que impiden el establecimiento de bacterias no residentes, que representan a los colonizadores oportunistas que podrían estar asociados con enfermedades. Dowd et al. (2008), utilizando la tecnología de secuenciación del gen del ARNr 16S, identificaron los 10 géneros más frecuentes en el intestino del cerdo asociado a bacterias autóctonas, que fueron *Actinobacilos*, *Bacillus*, *Candidatus*, *Clostridium*, *Helicobacter*, *Lactobacillus*, *Ruminococos*, *Streptococcus*, *Turicibacter* y *Veillonella*.

Entre las bacterias Gram positivas que generan desequilibrio en la microbiota están: los *Clostridium perfringens* tipo A y C, producen infecciones entéricas y suelen aparecer durante el periodo de lactación; *Enterococcus*, forman parte de la microbiota intestinal autóctona de los mamíferos y otros animales siendo considerados como comensales inocuos, sin embargo, pueden provocar infecciones en animales con enfermedades subyacentes o inmunodeprimidas (Abriouel., 2008); *Staphylococcus*, aunque es más conocido por su papel en infecciones de la piel, también dañan la mucosa intestinal (Flores., 2014 & Duque., 2016); *Bacillus*, algunas de estas especies como *Bacillus cereus*, también están asociadas con problemas gastrointestinales (Haque et al., 2021.)

La mayoría de las bacterias aisladas en este estudio pertenecen al filo *Firmicutes* y *Actinomycetota*. Dentro de los *Firmicutes* corresponde el orden *Bacillales* con géneros como *Bacilos* 60 %, *Staphylococcus* coagulasa negativa 17,5 %, *Staphylococcus aureus* 2,5 %); y del filo *Actinomycetota* se encontró el orden *Micrococcales* que corresponde al género *Micrococcus* 20 %.

En similitud con Buiatte et al. (2024) quienes indican que *Firmicutes* y *Bacteroidota*, representaron más del 90% de los taxones identificados en muestras fecales. Wang et al. (2019), en un estudio longitudinal demostró que, a los 61 días de edad, *Firmicutes* y *Bacteroidota* representaban más del 85% de la composición microbiana, al igual que Mach et al. (2015) quienes evaluaron la microbiota fecal de 31 lechones hasta los 70 días de edad, y los filos *Firmicutes* y *Bacteroidota* correspondieron a más del 90% del total.

El género de bacterias *Micrococos* se aisló en un 18,60 % del total de bacterias Gram positivas aisladas de heces de cerdo. Wylensek et al. (2020) indican que algunas bacterias del género *Micrococcus* spp forman parte de la microbiota comensal del tracto digestivo de los porcinos así como la especie de *Micrococcus luteus*; que se identificó mediante meta-análisis de los datos de la secuencia del amplicón del ARNr 16S.

Los *Micrococcus* spp, se puede encontrar comúnmente en la piel de los mamíferos (Núñez, 2014); generalmente no se consideran patógenos; sin embargo, algunas especies han sido culpables de varias infecciones, por lo tanto, pueden ser patógenos oportunistas. (Nuñez., 2014; Tizabi & Hill, 2023). El género *Micrococcus* spp en este estudio se aisló en la mayoría de categorías, excepto en verracos, se considera que la distribución de estas bacterias se relaciona con el tipo de alojamiento del cerdo, como consecuencia a la fase de crecimiento y de la actividad del cerdo; ya que, en esta categoría los cerdos generan más partículas de pienso y estiércol seco acumuladas en la superficie del suelo generando condiciones óptimas para estas bacterias (Kim & Ko, 2019).

En el análisis de la tabla para el chi-cuadrado, se obtuvo un p valor estadísticamente significativo del 0,022 con la asociación de *Micrococcus* spp y la limpieza. Kim y Ko, (2019) mencionan que *Micrococcus* spp puede llegar a contaminar las granjas porcinas a través del aire, por esta razón, se deben tomar varias medidas como la aplicación de una ventilación óptima, mejorar la higiene de las instalaciones e incluso plantear un tratamiento del estiércol, para reducir la concentración de bacterias en el aire en las instalaciones porcinas.

El género *Bacillus* spp fue el más aislado en un 60 %, encontrándose en todas las categorías Bahaddad et al., (2023) mencionan que los *Bacillus* spp, forman parte de la flora normal por lo que se puede aislar del tracto gastrointestinal y de las heces de diferentes animales, como cerdos, rumiantes, pollos y animales acuáticos.

Leser y Col. (2002) aislaron del contenido digestivo del íleon, ciego y colon de los cerdos, bacterias como: *Bacillus*, *Lactobacillus*, *Streptococcus*; representando el 12.3 % del total de las bacterias aisladas. Li et al. (2021) y Wu et al. (2023) en sus investigaciones reportaron la presencia de *Bacillus subtilis* BS21 en heces de cerdo y comprobaron que estas bacterias ejercen actividad antibacteriana sobre bacterias gramnegativas como *E. coli*, *Salmonella*, *Shigella* y *Citrobacter*. Además, Wang et al. (2021) mencionan la presencia de *Bacillus* spp en las etapas de lactancia, crecimiento y finalización, lo que sugiere que estos miembros probablemente sean residentes del tracto gastrointestinal porcino (Wang et al, 2021).

El género *Staphylococcus aureus*, suele colonizar las fosas nasales, no obstante, también se puede encontrar con menor frecuencia en el tracto gastrointestinal (Rodríguez et al; 2015). De acuerdo a Diana et al. (2019) los *Staphylococcus aureus* se pueden hallar transitoriamente en el tracto digestivo tanto en animales como en el hombre. Zheng et. al, (2023) aislaron *S. aureus* de 304 muestras de heces de cerdo de las cuales 24,34 % fueron positivas, y en muestras de hisopos anales de 541 el 5,18 % fueron positivas para *S. aureus*.

Staphylococcus aureus es de gran interés en la medicina humana y veterinaria porque puede causar una variedad de síntomas y enfermedades, debido a la producción de enterotoxinas que provocan vómitos, diarrea. La intoxicación alimentaria estafilocócica, es una de las enfermedades más prevalentes en todo el mundo, resulta del consumo de enterotoxinas que se han formado en los alimentos (Johler et al; 2011).

El género *Staphylococcus* coagulasa negativo no se aisló en lechones, esto puede deberse a que en esta categoría existe gran abundancia de *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Clostridium*, *Bifidobacterium*. Además, la presencia de inmunoglobulinas de la madre presentes en la leche aporta protección frente a microorganismos patógenos y, por tanto, influye en la composición en la microbiota intestinal (Tajima y Aminov, 2015).

Wylensek et al. (2020) indican que algunas bacterias del género *Staphylococcus* coagulasa negativo forman parte de la microbiota comensal del tracto digestivo de los porcinos, así como las especies de *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus cohnii*. Sin embargo, algunas especies de *Staphylococcus* coagulasa negativo pueden ser patógenos oportunistas, la colonización de diferentes partes de la piel y las membranas mucosas del huésped es la fuente clave de infecciones endógenas (Becker; 2014).

En el recuento de *Lactobacillus spp.*, de las diferentes categorías porcinas evaluadas, se obtuvo un promedio entre $6,04 \times 10^{12}$ y $7,89 \times 10^{11}$ UFC/ml en las diluciones evaluadas del 10^{-9} a 10^{-10} . Angelis et al. (2006) analizaron las heces de cerdo de 8 cerdas de raza Large White que contenía *Lactobacillus*, se identificaron treinta y cinco aislados de heces de cerdo mediante análisis de secuencia parcial del ARNr 16; todos los aislamientos se detectaron a 10^8 – 10^9 UFC/ml. Asimismo, König et al. (2021) mostraron valores entre $2,40 \times 10^8$ y $3,80 \times 10^{10}$ UFC/ml en cerdos adultos, siendo estos datos inferiores a los encontrados en este estudio.

La edad incide en el recuento de *Lactobacillus spp.*, en lechones recién nacidos es más bajo debido a la colonización gradual de bacterias beneficiosas, a diferencia de

cerdos adultos que tienen un recuento más alto debido a la estabilidad de su microbiota. Sayan et al. (2018) indican que los recuentos de *Lactobacillus* en el duodeno de lechones son de 2.29×10^5 UFC, datos similares a Kalita et al. (2021) mencionan que en lechones de 20 días se contabilizó en el yeyuno una concentración de $1,08 \times 10^6$ UFC y en el íleon 4.53×10^7 UFC. Los valores en la presente investigación son mayores; y puede estar relacionado al manejo, crianza, dieta y medio ambiente. Además, la zona donde se muestreo influye directamente la concentración de *lactobacillus*, ya que en el intestino delgado es menos favorable encontrar un alto recuento por el bajo pH en el estómago, la descarga de sales biliares en el intestino y a la presencia de oxígeno (Mena, 2019)

Los *Lactobacillus* spp se establecen tempranamente en el intestino del lechón y aunque la sucesión ocurre a lo largo de la vida del cerdo, puede permanecer como uno de los elementos predominantes de la comunidad bacteriana. En particular, *L. reuteri* y *L. plantarum* están presentes de forma natural en niveles elevados concentrados en el tracto gastrointestinal de los cerdos (Angelis et al; 2006)

En el análisis del dendrograma, el primer grupo tiene similitud en el sistema de producción familiar, alimentación (lavaza y balanceado), junto con bacterias como *Micrococcus* spp, *Staphylococcus* coagulasa negativa, *Staphylococcus aureus*, y ausencia de bacterias del género *Bacillus*. El segundo grupo, a diferencia del primero tiene su similitud en el sistema de producción comercial, limpieza frecuente, medicamentos (Betalactámicos), y presencia de *Bacillus*, mientras que *Staphylococcus* coagulasa negativa, *Micrococcus* spp, *Staphylococcus aureus* están ausentes en la mayoría de las granjas al igual que en el tercero y cuarto grupo. El tercer grupo tiene un sistema de producción familiar, alimentación (lavasa y balanceado), limpieza frecuente, diferentes enfermedades y presencia de *Bacillus*. Por último, el cuarto grupo tiene su similitud en el sistema de producción familiar, limpieza frecuente, medicamentos (hierro y vitaminas) y *Bacillus*.

Han (2018) y Mach (2015) indican que la microbiota gastrointestinal en animales puede verse afectada por numerosos factores, la raza, dieta, edad y estado de salud. Haque et al. (2021) menciona que los *Bacillus* se pueden encontrar en alimentos y piensos fermentados o no fermentados, utilizados como probióticos. Por otro lado, Ianiro et al. (2020) y Ramírez et al. (2020) señalan que el uso de antibióticos puede alterar el equilibrio que existe entre las distintas especies de la microbiota intestinal, ya que disminuyen la diversidad de especies y pueden provocar el crecimiento excesivo de patobiontes, como el *C. difficile* toxigénico. Sin embargo, en el análisis del dendrograma

del cuarto grupo, los betalactámicos no afectaron la presencia de *Bacillus* ya que la mayoría de especies son resistentes a estos tipos de medicamentos (Tuazon, 2019).

En este estudio se reporta la presencia de bacterias Gram positivas de los órdenes *Bacillales* (*Bacillus spp*), *Lactobacillales* (*Lactobacillus spp*); y *Micrococcales* (*Micrococcus spp*), en la microbiota de los cerdos de las granjas analizadas. Estas bacterias pueden ser microorganismos beneficiosos pero la proliferación descontrolada puede llegar a ser patógena por factores externos como la edad, alimentación, el estrés, higiene; que puede afectar la salud y el rendimiento de los animales.

8. Conclusiones

- Se logro aislar tres géneros de bacterias Gram positivas (*Micrococcus* spp, *Bacillus* spp, *Staphylococcus*) y dos especies de *Staphylococcus*: *Staphylococcus coagulasa negativa*, *Staphylococcus aureus*.
- En todas las categorías de las granjas analizadas se observó *Bacillus* spp., a diferencia de *Staphylococcus aureus*, que solo se encontró en cerdas madres. *Staphylococcus coagulasa negativa* se halló en engorde, madres, verracos, mientras que *Micrococcus* spp se encontraron en lechones destetados, engorde y madres.
- En el análisis de *Lactobacillus* spp., de las diferentes categorías porcinas evaluadas, se obtuvo un promedio entre $7,89 \times 10^{11}$ y $6,04 \times 10^{12}$ y UFC/ml, mostrando recuentos superiores a los valores normales encontrados en la bibliografía.
- Se obtuvo un p valor significativo del 0,022 en el aislamiento de los *Micrococcus* spp y el factor de limpieza en las granjas. Según los datos esta bacteria se encuentra distribuida en el medio ambiente, por lo que puede transmitirse con mayor facilidad.

9. Recomendaciones

- Se debe realizar estudios con un corte longitudinal que permita evaluar los cambios dentro de la composición de la microbiota considerando factores como el sistema de crianza, la limpieza y presencia de enfermedades, entre otros.
- Establecer un plan de alimentación que contemple las necesidades de proteína, energía, vitaminas y minerales de manera adecuada en las distintas categorías de los porcinos para un mejor rendimiento en la producción.
- Priorizar el uso responsable de fármacos mediante protocolos de administración, esquemas de vacunación y desparasitación, con supervisión constante de un Médico Veterinario que permita garantizar la salud del animal y minimizar el riesgo de resistencia antimicrobiana.
- Emplear técnicas moleculares que permita una identificación de la composición total del microbioma, permitiendo optimizar la salud metabólica empleando factores nutricionales mejorando el rendimiento productivo.

10. Bibliografía

- Abriouel, H., Ben Omar, N., López, R., & Gálvez, A. (2008). La doble faceta del género *Enterococcus* y su importancia en alimentos. *Real Acad Ciencias Vet Andalucía Orient*, 21(1), 66-74.
<https://investigacion.ujaen.es/documentos/5eebf29c29995209f4265900>
- Agencia de Regulación y Control Fito y Zoonosanitario (2021). Manual de procedimientos para la certificación de granjas de ganado porcino.
<https://www.agrocalidad.gob.ec/wp-content/uploads/2021/11/DAJ-2021454-0201.0228-registro-granjas-20211.pdf>
- Andino, M., y Quesada, C. (2022). Clostridioides (*Clostridium difficile*) en porcinos: caracterización, consideraciones epidemiológicas y resistencia a los antimicrobianos. *Veterinaria (Montevideo)*, 58(217).
<http://www.scielo.edu.uy/pdf/vet/v58n217/1688-4809-vet-58-217-e301.pdf>
- Bou, G., Fernández, A., García, C., Sáez, J., & Valdezate, S. (2011). Métodos de identificación bacteriana en el laboratorio de microbiología. *Enfermedades infecciosas y microbiología clínica*, 29(8), 601-608.
<https://doi.org/10.1016/j.eimc.2011.03.012>
- Brassea, A. (2018). Evaluación del efecto de la suplementación con *bacillus subtilis* sobre el comportamiento productivo y la microbiota intestinal de cerdos destetados. [Tesis de Pregrado, Universidad Autónoma de Baja California].
<https://repositorioinstitucional.uabc.mx/server/api/core/bitstreams/8e7545c4-b6ec-4538-8e5e-514ffd5500d0/content>
- Canibe, N., Højberg, O., Kongsted, H., Vodolazska, D., Lauridsen, C., Nielsen, TS y Schönherz, AA (2022). Revisión sobre medidas preventivas para reducir la diarrea post-destete en lechones. *Animales*, 12 (19), 2585.
<https://doi.org/10.3390/ani12192585>
- Castillo, C. (2021). Selección de cepas de *Lactobacillus* spp procedentes del tracto digestivo del cerdo como posibles cepas probióticas. [Tesis de Pregrado, Escuela Superior Politécnica de Chimborazo. Riobamba].
<http://dspace.esoch.edu.ec/handle/123456789/15641>

- Concepción, P. (2014). Detección y caracterización de *Staphylococcus aureus* procedentes de animales. [Tesis Doctoral, Universidad Complutense de Madrid]. <https://www.visavet.es/data/tesis/deteccion-caracterizacion-staphylococcus-aureus-animales-aguas.pdf>
- Cotta, M., Whitehead, T y Zeltwanger, R. (2003). Isolation, characterization and comparison of bacteria from swine faeces and manure storage pits. *Environmental microbiology*, 5(9), 737-745. <https://doi.org/10.1046/j.1467-2920.2003.00467.x>
- Dowd, S., Sun, Y., Wolcott, R., Domingo, A., y Carroll, J. (2008). Bacterial tag-encoded FLX amplicon pyrosequencing (bTEFAP) for microbiome studies: bacterial diversity in the ileum of newly weaned Salmonella-infected pigs. *Foodborne pathogens and disease*, 5(4), 459-472. <https://doi.org/10.1089/fpd.2008.0107>
- Espinoza, D. (2012). “Proyecto de factibilidad para la creación de una empresa dedicada a la crianza, engorde y faenamamiento de cerdos en la parroquia de Pifo”. [Tesis de Pregrado, Universidad Central del Ecuador]. <https://core.ac.uk/download/pdf/71898371.pdf>
- Gaceta Sanitaria. (2002). Antibióticos como promotores del crecimiento en animales. ¿Vamos por el buen camino? *Gaceta Sanitaria*, 16(2), 109-112. http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0213-91112002000200002&lng=es&tlng=es.
- Han, GG, Lee, JY, Jin, GD, Park, J., Choi, YH, Kang, SK, ... y Choi, YJ (2018). Rastreo de la microbiota fecal de cerdos comerciales en cinco etapas de crecimiento desde el nacimiento hasta el embarque. *Informes científicos*, 8 (1), 6012. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-24508-7>
- Haque, M., Wang, F., Chen, Y., Hossen, F., Islam, M., Hossain, M., ... & Ahmed, F. (2022). Bacillus spp. contamination: a novel risk originated from animal feed to human food chains in south-eastern Bangladesh. *Frontiers in microbiology*, 12, 783103.

<https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2021.783103/full#B5>

Ibrahim, S. (2016). Lactic acid bacteria: *Lactobacillus* spp.: other species.

<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/B978008100596500857X>

Isaacson, R., y Kim, H. (2012). The intestinal microbiome of the pig. *Animal health research reviews*, 13(1), 100-109. <https://doi.org/10.1017/S1466252312000084>

Johler, S., Layer, F. y Stephan, R. (2011). Comparación de genes de virulencia y resistencia a antibióticos de brotes de intoxicación alimentaria aislados de *Staphylococcus aureus* con aislados obtenidos de leche de mastitis bovina y canales de cerdo. *Revista de protección de los alimentos*, 74 (11), 1852-1859. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-11-192>

Laboratorios Britania. (2021). Manitol Salado Agar.

https://www.britanialab.com/back/public/upload/productos/upl_607073c954fa9.pdf

Ludwig, W., Kirchhof, G., Weizenegger, M., y Weiss, N. (1992). Phylogenetic Evidence for the Transfer of *Eubacterium suis* to the Genus *Actinomyces* as *Actinomyces suis* comb. nov. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 42(1), 161-166. <https://doi.org/10.1099/00207713-42-1-161>

Mach, N., Berri, M., Estellé, J., Levenez, F., Lemonnier, G., Denis, C., ... & Lepage, P. (2015). Early-life establishment of the swine gut microbiome and impact on host phenotypes. *Environmental microbiology reports*, 7(3), 554-569.

<https://doi.org/10.1111/1758-2229.12285>

Marchwińska, K. y Gwiazdowska, D. (2022). Aislamiento y potencial probiótico de bacterias del ácido láctico de heces porcinas para la composición de aditivos alimentarios. *Archivos de Microbiología*, 204 (1), 61.

<https://doi.org/10.1007/s00203-021-02700-0>

- Marín, C. (2017). Indicaciones y Valoración Clínica del Urocultivo y Coprocultivo. *Revista del Instituto de Medicina Tropical*, 10 (1), 37-47.
<https://doi.org/10.18004/imt/201510137-47>
- Miranda Hevia, R. (2008). Microbiota digestiva del cerdo: determinación del patrón en condiciones de salud y enfermedad. [Tesis Doctoral, Universidad de León].
<https://buleria.unileon.es/bitstream/handle/10612/9579/Tesis%20Rub%C3%A9n%20Miranda%20Hevia.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Mukherjee, A. (2020). Gut microbes from the phylogenetically diverse genus *Eubacterium* and their various contributions to gut health. *Gut Microbes*, 12 (1).
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7524325/>
- Paredes, F y Roca, J. (2004). Infecciones gastrointestinales. *Offarm*, 23 (5), 100-106.
<https://www.elsevier.es/es-revista-offarm-4-articulo-infecciones-gastrointestinales-13061801>
- Ramirez, J., Guarner, F., Bustos Fernandez, L., Maruy, A., Sdepanian, VL, & Cohen, H. (2020). Antibióticos como principales disruptores de la microbiota intestinal. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 10, 572912.
<https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.572912>
- Saltos, F. (2021). Plan de mejoras para el sistema de producción de cerdos de la asociación de productores agropecuarios de la comuna productores agropecuarios de la comuna. [Tesis de Pregrado, Universidad Estatal Península de Santa Elena]. <https://repositorio.upse.edu.ec/bitstream/46000/6389/1/UPSE-TIA-2021-0106.pdf>

- Samaniego Sarango, L. (2014). Diagnóstico de la producción porcina en el cantón Loja, provincia de Loja. [Tesis de Pregrado, Universidad Nacional de Loja]
[https://dspace.unl.edu.ec/jspui/bitstream/123456789/6024/1/Lorena%20Elizabet h%20Samaniego%20Sarango.pdf](https://dspace.unl.edu.ec/jspui/bitstream/123456789/6024/1/Lorena%20Elizabet%20Samaniego%20Sarango.pdf)
- Tizabi, D. y Hill, RT (2023). Micrococcus spp. como una fuente prometedora para el descubrimiento de fármacos: una revisión. *Revista de Microbiología y Biotecnología Industrial*, 50 (1). <https://doi.org/10.1093/jimb/kuad017>
- Tuazon, C. (2019). Bacillus species. infectious disease and antimicrobial agents.
<http://www.antimicrobe.org/b82.asp>
- Schokker, D., Zhang, J., Zhang, L.L., Vastenhouw, S., Heilig, H., Smidt, H., Rebel, J y Smits, M. (2014). Early-life environmental variation affects intestinal microbiota and immune development in new-born piglets. *Plos one*, 9(6).
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0100040>
- Alarcón, P. (2012). Streptococcus suis. *Revista Chilena de Infectología.*, 29 (5), 541-542 <https://scielo.conicyt.cl/pdf/rci/v29n5/art12.pdf>
- Wang, X., Tsai, T., Deng, F., Wei, X., Chai, J., Knapp, J., ... y Zhao, J. (2019). Longitudinal investigation of the swine gut microbiome from birth to market reveals stage and growth performance associated bacteria. *Microbioma*, 7, 1-18.
<https://microbiomejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s40168-019-0721-7>
- Wu D, Fu L, Cao Y, Dong N y Li D (2023). Genomic insights into antimicrobial potential and optimization of fermentation conditions of pig-derived Bacillus

subtilis BS21. *Front. Microbiol*,14:1239837.

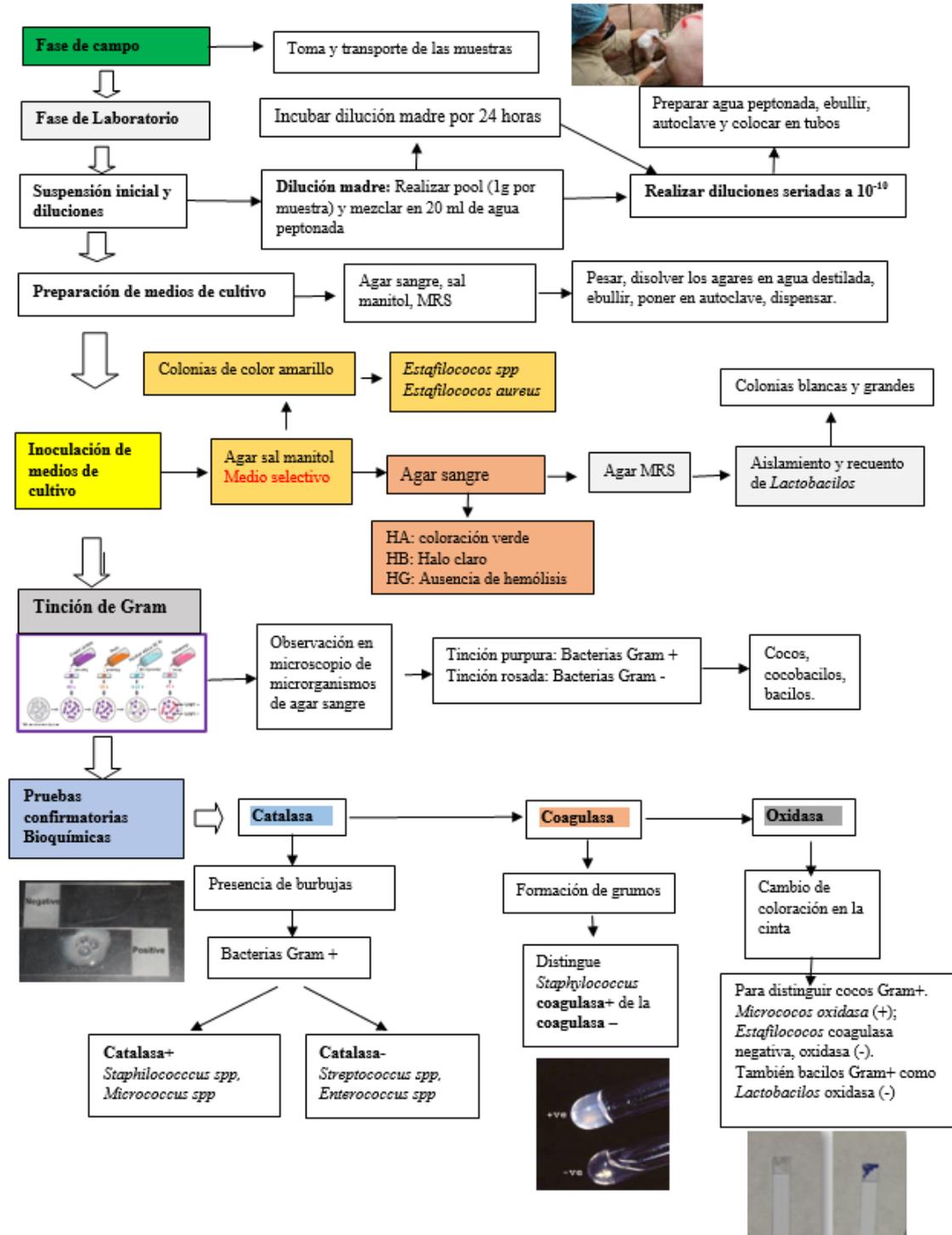
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.12398>

Wylensek, D., Hitch, TC, Riedel, T., Afrizal, A., Kumar, N., Wortmann, E., ... y Clavel, T. (2020). A collection of bacterial isolates from the pig intestine reveals functional and taxonomic diversity. *Comunicaciones de la naturaleza*, 11 (1).
<https://www.nature.com/articles/s41467-020-19929-w>

Zheng, L., Jiang, Z., Wang, Z., Li, Y., Jiao, X., Li, Q. y Tang, Y. (2023). La prevalencia de *Staphylococcus aureus* y la aparición de MRSA CC398 asociado al ganado en la producción porcina en el este de China. *Fronteras en Microbiología*, 14.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1267>

11. Anexos

Anexo 1. Diagrama de flujo de identificación de bacterias Gram positivas



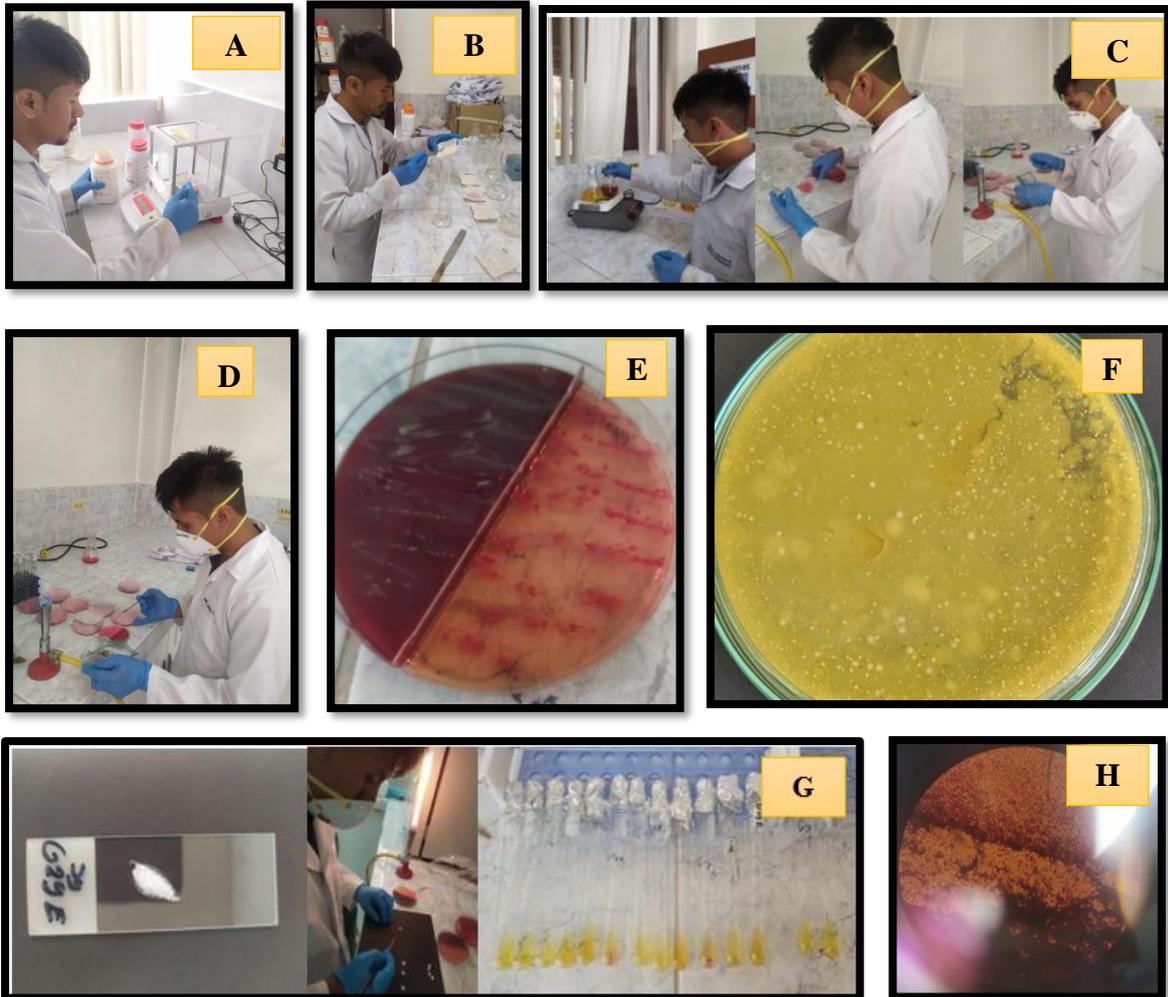
Anexo 2. Recuento de *Lactobacilos*

N° Granjas	Categorías	-9	-10
1	Engorde	1,59E+12	1,30E+13
2	Engorde	1,13E+12	2,01E+13
3	Madre	1,38E+11	1,86E+12
4	Madre	2,04E+12	2,44E+12
5	Lechón	1,41E+12	5,34E+12
5	Madre	1,46E+12	7,92E+12
6	Madre	1,55E+12	2,61E+13
7	Verraco	1,20E+12	7,36E+12
8	Engorde	3,32E+11	5,38E+12
8	Lechón	7,00E+11	5,76E+12
8	Madre	6,58E+11	5,48E+12
9	Madre	6,90E+11	7,92E+12
10	Lechón	1,17E+12	1,58E+13
10	Madre	6,80E+11	1,25E+13
11	Lechón	5,26E+11	2,36E+12
12	Engorde	5,20E+10	2,00E+10
13	Engorde	1,32E+11	1,86E+12
13	Madre	3,46E+11	8,20E+11
14	Engorde	1,89E+12	1,31E+13
14	Madre	9,22E+11	2,10E+12
15	Madre	4,34E+11	4,36E+12
16	Verraco	5,22E+11	5,18E+12
17	Madre	3,0E+10	1,04E+12
18	Madre	3,96E+11	1,96E+12
18	Engorde	4,08E+11	3,28E+12
19	Madre	1,40E+12	1,58E+13
19	Engorde	4,90E+11	1,67E+13
20	Madre	1,35E+12	6,18E+12
21	Lechón	6,20E+10	6,00E+10
22	Engorde	3,06E+11	1,80E+12
22	Madre	6,34E+11	6,00E+11
23	Madre	5,40E+10	2,00E+11
24	Engorde	5,72E+11	8,52E+12
25	Madre	2,65E+12	6,98E+12
26	Madre	7,18E+11	8,96E+12
26	Engorde	5,52E+11	1,01E+13
27	Madre	8,40E+11	7,60E+12
28	Madre	3,06E+11	4,78E+12
28	Engorde	5,08E+11	6,46E+12
29	Engorde	2,92E+11	4,56E+12
29	Verraco	7,68E+11	9,62E+12
30	Madre	5,34E+11	6,04E+12
30	Engorde	1,50E+12	7,20E+12

Anexo 3. Tabla de Variables

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
N° Granjas	Sistema de crianza	Alimento	Limpieza	Enfermedades	Medicamentos	Micrococcus spp	Bacillus spp	Lactobacilos spp	Estafilococos coagu	Estafilococos aureus
Granja 1	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Otras_enfermedades	Hierro_Vitaminas	Ausencia	Ausencia	Ausencia	Presencia	Ausencia
Granja 2	Familiar	Maiz_Balanceado <4veces_anc		Respiratorio	Las_Tetraciclinas_Beta	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 3	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Tracto_digestivo_intestinal	Tetraciclinas	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 4	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Ningun_problema_de_enfermedad	Betalactámicos	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 5	Familiar	Maiz_Balanceado >4veces_anc		Ningun_problema_de_enfermedad	Betalactámicos	Presencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 6	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Ningun_problema_de_enfermedad	Hierro_Vitaminas	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 7	Familiar	Balanceado <4veces_anc		Reproductivo	Tetraciclinas	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 8	Comercial	Balanceado >4veces_anc		Ningun_problema_de_enfermedad	Betalactámicos	Ausencia	Presencia	Ausencia	Presencia	Ausencia
Granja 9	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Respiratorio	Ifonamidas_Tetraciclín	Ausencia	Ausencia	Ausencia	Presencia	Ausencia
Granja 10	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Otras_enfermedades	Ifonamidas_Tetraciclín	Presencia	Ausencia	Ausencia	Presencia	Ausencia
Granja 11	Familiar	Balanceado >4veces_anc		Tracto_digestivo_intestinal	Hierro_Vitaminas	Ausencia	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia
Granja 12	Familiar	Maiz_Balanceado >4veces_anc		Ningun_problema_de_enfermedad	Hierro_Vitaminas	Ausencia	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia
Granja 13	Comercial	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Tracto_digestivo_intestinal	Betalactámicos	Ausencia	Presencia	Presencia	Ausencia	Ausencia
Granja 14	Comercial	Maiz_Balanceado >4veces_anc		Tracto_digestivo_intestinal	Betalactámicos	Presencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 15	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Tracto_digestivo_intestinal	Ifonamidas_Tetraciclín	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 16	Familiar	Balanceado >4veces_anc		Otras_enfermedades	Hierro_Vitaminas	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 18	Familiar	Maiz_Balanceado >4veces_anc		Tracto_digestivo_intestinal	Ifonamidas_Tetraciclín	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 19	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Respiratorio	raciclinas_Betalactámi	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 20	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Reproductivo	Hierro_Vitaminas	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 21	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Ningun_problema_de_enfermedad	Hierro_Vitaminas	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 22	Comercial	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Respiratorio	Betalactámicos	Ausencia	Presencia	Ausencia	Presencia	Ausencia
Granja 23	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Tracto_digestivo_intestinal	raciclinas_Betalactámi	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 24	Comercial	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Tracto_digestivo_intestinal	raciclinas_Betalactámi	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 25	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Respiratorio	Betalactámicos	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 26	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Reproductivo	Betalactámicos	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 27	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Tracto_digestivo_intestinal	Hierro_Vitaminas	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 28	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Reproductivo	raciclinas_Betalactámi	Ausencia	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia
Granja 29	Familiar	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Ningun_problema_de_enfermedad	Hierro_Vitaminas	Ausencia	Presencia	Ausencia	Presencia	Ausencia
Granja 30	Comercial	Lavaza_Balanceado<4veces_anc		Respiratorio	Las_Tetraciclinas_Beta	Presencia	Ausencia	Ausencia	Ausencia	Presencia

Anexo 4. Trabajo en laboratorio



Descripción:

- A) Pesaje del agua peptonada y los agares
- B) Preparación de los agares con agua destilada
- C) Ebullición y dispensación de agares
- D) Inoculación en agar diferencial (agar sangre) y selectivo (sal manitol).
- E) Lectura de las placas de cultivo
- F) Conteo de colonias de *Lactobacillus* spp
- G) Inoculación de pruebas bioquímicas, catalasa, oxidasa, coagulasa
- H) Observación en microscopio de bacterias Gram positivas

Anexo 5. Certificación de traducción de inglés



UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA
FACULTAD AGROPECUARIA Y DE RECURSOS NATURALES
RENOVABLES
CARRERA DE MEDICINA VETERINARIA

CERTIFICADO DE TRADUCCIÓN

Yo, Eduardo Alexander Vargas Romero, con número de cédula 1104605454 y con título de Licenciado en Ciencias de la Educación, Mención Inglés, registrado en el SENESCYT con número 1031-15-1437415.

CERTIFICO:

Que he realizado la traducción de español al idioma inglés del resumen del presente trabajo de integración curricular denominado **"Caracterización de bacterias Gram positivas, presentes en heces de porcinos en granjas del cantón Loja"** de autoría de **John Steven Cabrera Soto**, portador de la cédula de identidad, número **1729101848**, estudiante de la carrera de Medicina Veterinaria, Facultad Agropecuaria y de Recursos Naturales Renovables de la Universidad Nacional de Loja, siendo el mismo verdadero y correcto a mi mejor saber y entender.

Declaro que el 'Abstract' escrito en idioma inglés, ha sido redactado conforme a los estándares académicos y de calidad requeridos.

Es todo lo que puedo certificar en honor a la verdad, facultando al interesado para que haga uso del presente en lo que considere conveniente.



Mgtr. Eduardo Alexander Vargas Romero
C.I. 1104605454
Registro del SENESCYT: 1031-15-1437415

Ciudad Universitaria "Guillermo Falconi Espinosa"
Casilla letra "S" Sector La Argelia – Loja – Ecuador
Telf: +(593)- 7259 3550
Mail: direccion.ued@unl.edu.ec

Educamos para Transformar