



Universidad
Nacional
de Loja

Universidad Nacional de Loja

Facultad Agropecuaria y de Recursos Naturales Renovables

Carrera de Medicina Veterinaria

“Evaluación de la resistencia antimicrobiana de enterobacterias Gram-negativas aisladas en heces de granjas porcinas de la provincia de Zamora Chinchipe”

Trabajo de Integración Curricular previo a la obtención del título de Médica Veterinaria

AUTORA:
Ana María Yaguana Salazar

DIRECTORA:
Bqf. Jessica Ilenia Valdivieso Tituana, MSc.

Loja – Ecuador

2025

Certificación de Tesis

Loja, 11 de febrero de 2025

Bqf. Jessica Ilenia Valdivieso Tituana, MSc.

DIRECTORA DEL TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR

C E R T I F I C O:

Que he revisado y orientado todo el proceso de elaboración del Trabajo de Integración Curricular denominado: Evaluación de la resistencia antimicrobiana de enterobacterias Gram-negativas aisladas en heces de granjas porcinas de la provincia de Zamora Chinchipe, de autoría de la estudiante Ana María Yaguana Salazar, con cédula de identidad Nro.1105716235 previo a la obtención del título de MÉDICA VETERINARIA. Una vez que el trabajo cumple con todos los requisitos exigidos por la Universidad Nacional de Loja, apruebo y autorizo la presentación su presentación para los trámites de titulación.

Bqf. Jessica Ilenia Valdivieso Tituana, MSc.

DIRECTORA DEL TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR

Autoría

Yo, **Ana María Yaguana Salazar**, declaro ser autora 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: 1105716235

Fecha: 27/02/2025

Correo electrónico: ana.yaguana@unl.edu.ec

Teléfono: 0990504255

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

Yo, **Ana María Yaguana Salazar**, declaro ser autora del Trabajo de Integración Curricular denominado: **Evaluación de la resistencia antimicrobiana de enterobacterias Gram-negativas aisladas en heces de granjas porcinas de la provincia de Zamora Chinchipe**, como requisito para optar por el título de **Médica Veterinaria**, 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, en la ciudad de Loja, a los 27 días del mes de Febrero de dos mil veinticinco.

Firma:

Autora: Ana María Yaguana Salazar

Cédula: 1105716235

Dirección: Loja, Calle Condamine y Av. Pio Jaramillo Alvarado, Edificio Rosalía, S/N.

Correo electrónico: am.yagsal@gmail.com

Teléfono: 0990504255

DATOS COMPLEMENTARIOS:

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

Dedicatoria

A Dios, por poner en mi camino a seres de buen corazón y guiar mi vida para encontrar mi vocación.

A mis padres, María Enith Salazar Loján y Juan Carlos Yaguana Arévalo, quienes me enseñaron la importancia de una familia y del calor de hogar.

A mi tío, Freddy Bolívar Salazar Loján, mi segundo padre, quien me enseñó que vivir en paz y armonía es el primer paso para ayudar a los demás.

A mis abuelos, Yolanda, Juan Francisco, Enith y Franco, por enseñarme que escuchar y aprender son habilidades que se cultivan todos los días.

A Juan Pablo Castillo Gálvez, por ser apoyo, amor y paz en todo momento, de forma incondicional.

A Manchas y Toby, mis ángeles, quienes me acompañaron antes y después de su partida en todos mis desvelos, crisis y momentos importantes, guiándome y recordándome porque elegí esta hermosa profesión.

Ana María Yaguana Salazar

Agradecimiento

Agradezco a mi tutora, Bqf. Jessica I. Valdivieso T. Mg. Sc., quien siempre tuvo una dedicación, generosidad y predisposición ejemplar al acompañarme en la elaboración de esta investigación, tanto en la práctica como en la teoría. Gracias por ser una guía clave durante mi formación profesional, por confiar en mí y por enseñarme que existen docentes con vocación.

Asimismo, mi agradecimiento al Dr. Roberto Bustillos y al Grupo de Investigación de Sanidad Animal (GISA), así como a la Ing. Pamela Pachar y al Dr. Galo Escudero, del laboratorio de Diagnóstico Veterinario, por toda su paciencia y comprensión durante el trabajo de campo de esta investigación.

De igual manera, agradezco inmensamente a la Universidad Nacional de Loja, por brindarme siempre el apoyo necesario, por ser mi segundo hogar, y por hacer de mi formación profesional una de las mejores etapas de mi vida. Mi gratitud y amor por esta noble institución es eterna.

Ana María Yaguana Salazar

Índice

Certificación de Tesis	ii
Autoría	iii
Carta de autorización	iv
Dedicatoria	v
Agradecimiento	vi
Índice	vii
Índice de tablas	viii
Índice de figuras	ix
Índice de anexos	x
1. Tema	1
2. Resumen	2
3. Introducción	4
4. Marco Teórico	6
4.1. Cerdo (<i>Sus scrofa domesticus</i>)	6
4.2. Generalidades De Las Granjas Porcinas	6
4.2.1. Granjas Familiares	7
4.2.2. Granjas Comerciales	8
4.2.3. Granjas Industriales	8
4.3. Microbiota Porcina	10
4.3.1. Microorganismos Presentes En La Microbiota Porcina	10
4.4. Caracterización De Enterobacterias	11
4.5. Antibióticos	12
4.5.1. Betalactamasas	12
4.5.2. Antibióticos dirigidos a las subunidades ribosomales	13
4.5.3. Antibióticos inhibidores de topoisomerasas del ADN	13
4.5.4. Antibióticos sintetizadores del ácido fólico	13
4.6. Estudios en base a la Resistencia Antimicrobiana y Microbiota Porcina	14

4.6.1. Mecanismos de resistencia	15
5. Material y Métodos	16
5.1. Área de estudio	16
5.2. Procedimiento	16
5.3. Procesamiento Y Análisis De La Información	20
5.4. Consideraciones Éticas	20
6. Resultados	21
7. Discusión	28
8. Conclusiones	35
9. Recomendaciones	36
10. Bibliografía	37
11. Anexos	55

Índice de tablas

Tabla 1. Parámetros productivos y reproductivos de las granjas industriales, comerciales y familiares dedicadas a la producción porcina.	9
Tabla 2. Cantidad de granjas seleccionadas según el cantón.	17
Tabla 3. Comparación macroscópica de las colonias.	18
Tabla 4. Comparación macroscópica de las colonias en el CHROMagar.	19
Tabla 5. Características de las granjas porcinas muestreadas	21
Tabla 6. Enterobacterias identificadas en las granjas porcinas.	22
Tabla 7. Presencia de <i>Escherichia coli</i> y <i>Proteus spp.</i> por categorías de producción en granjas industriales.	22
Tabla 8. Resistencia de las cepas de <i>Escherichia coli</i> y <i>Proteus spp.</i> aisladas en las granjas porcinas.	23
Tabla 9. Resistencia de las cepas de <i>Enterobacter spp.</i> aisladas en las granjas porcinas.	24
Tabla 10. Factores asociados a la presencia de <i>Escherichia coli</i> en las granjas porcinas.	24

Índice de figuras

- Figura 1.** Ubicación geográfica de las granjas de la provincia de Zamora Chinchipe. 16
- Figura 2.** Dendrograma de las granjas de estudio 27

Índice de anexos

Anexo 1. Encuesta	55
Anexo 2. Diagrama de flujo.	56
Anexo 3. Caracterización e identificación de bacterias Gram negativas.	57
Anexo 4. Bacterias aisladas en pools de las 35 granjas.	58
Anexo 5. Enterobacterias identificadas en los pools de las granjas porcinas.	58
Anexo 6. Resistencia antimicrobiana de las enterobacterias aisladas.	59
Anexo 7. Factores asociados a la presencia de <i>Proteus</i> spp. en las granjas porcinas.	60
Anexo 8. Factores asociados a la presencia de <i>Enterobacter</i> spp. en las granjas porcinas.	62
Anexo 9. Variables del estudio.	64
Anexo 10. Trabajo de campo y de laboratorio.	65
Anexo 11. Certificado de traducción del resumen.	66

1. Tema

Evaluación de la resistencia antimicrobiana de enterobacterias Gram-negativas aisladas en heces de granjas porcinas de la provincia de Zamora Chinchipe.

2. Resumen

Desde el 2022, la provincia de Zamora Chinchipe aumentó su producción porcina de forma significativa, hecho reflejado en el incremento del consumo per cápita de 12 kilos en el 2024. En este contexto, las granjas de tipo tradicional y las escasas prácticas de bioseguridad son un factor común, ocasionando cambios en la microbiota de los cerdos, resultando en que las enterobacterias proliferen, afectando a animales, humanos y por ende a la salud pública. Por tal motivo, el presente estudio tiene como objetivo evaluar la resistencia antimicrobiana de enterobacterias gram-negativas aisladas en heces de granjas porcinas de la provincia de Zamora Chinchipe, partiendo de las muestras de heces obtenidas en estas producciones (26 tradicionales y 6 industriales) y analizadas por coprocultivo en el laboratorio. Los resultados caracterizaron a *Escherichia coli*, *Proteus* spp. y *Enterobacter* spp en la microbiota de los porcinos. Los antibiogramas de *Escherichia coli* y *Proteus* spp. obtuvieron resistencia intermedia a cefalexina, trimetoprima-sulfametoxazol y estreptomina, mientras que *Enterobacter* spp. mostró una multiresistencia a varios antibióticos. En el análisis de los grupos, se delimitaron cuatro clústers con características similares de manejo, alimentación y sanidad, pero no se identificó una relación estadísticamente significativa entre estas características y la presencia de enterobacterias. Sin embargo, la alimentación, los protocolos sanitarios y el manejo influyen directamente en la composición de la microbiota porcina y la resistencia de los bacterias que la componen.

Palabras clave: enterobacterias, gram-negativas, resistencia antimicrobiana, heces porcinas, factores, microbiota.

2.1. Abstract

Since 2022, the province of Zamora Chinchipe has increased its pork production significantly, a fact reflected in the increase in per capita consumption of 12 kilos in 2024. In this context, traditional farms and poor biosecurity practices are a common factor, causing changes in the microbiota of pigs, resulting in the proliferation of enterobacteria, affecting animals, humans and therefore public health. For this reason, the present study aims to evaluate the antimicrobial resistance of gram-negative enterobacteria isolated in feces from pig farms in the province of Zamora Chinchipe, based on fecal samples obtained from these productions (26 traditional and 6 industrial) and analyzed by stool culture in the laboratory. The results characterized *Escherichia coli*, *Proteus* spp. and *Enterobacter* spp. in the swine microbiota. The antibiograms of *Escherichia coli* and *Proteus* spp. obtained intermediate resistance to cephalexin, trimethoprim-sulfamethoxazole and streptomycin, while *Enterobacter* spp. showed multi-resistance to several antibiotics. In the cluster analysis, four clusters with similar management, feeding and sanitation characteristics were delineated, but no statistically significant relationship between these characteristics and the presence of *Enterobacter* spp. was identified. However, feeding, sanitary protocols and management directly influence the composition of the swine microbiota and the resistance of the bacteria that compose it.

Keywords: enterobacteria, gram-negative, antimicrobial resistance, pig feces, factor, microbiota.

3. Introducción

En el Ecuador, la producción de carne de cerdo es una industria importante que aporta, anualmente, cientos de fuentes de trabajo. En el año 2022, según el censo realizado por el Ministerio de Agricultura y Ganadería (MAG) por medio de la Encuesta de Superficie y Producción Agropecuaria Continua (ESPAC) existían 2 241 394 cerdos en el territorio nacional, donde la región Interandina aportaba con el 50,14 %, la región Litoral el 46,71 % y la Amazonía con el 3,14 % de la población porcina. En el año 2024, el consumo per cápita de carne de cerdo fue de 12 kilos (ASPE, 2025; Salazar et al., 2022).

En términos pecuario-productivos, la región de la Amazonía es la menos tecnificada, aseveración respaldada por los datos de D. Salazar et al. (2022) quienes señalan que en esta zona existen 70 450 porcinos, principalmente, de traspatio. En el caso de la provincia de Zamora Chinchipe se ha contabilizado hasta el 2020 un total de 10 779 porcinos, dato que demuestra que en este sector, la porcicultura es un componente crucial en la economía y el suministro de alimentos (Muñoz et al., 2020).

El aumento de la producción porcina ha incrementado la administración oral de antimicrobianos y la suplementación temprana de metales pesados como en zinc y el cobre, lo que puede afectar la microbiota humana de los poricultores, sugiriendo así una transferencia de resistencia antimicrobiana (RAM) desde los animales (Agga et al., 2015; Aubry-Damon et al., 2004; Bednorz et al., 2013; Burow et al., 2014; Hendriksen et al., 2008; Holmer et al., 2019; Murphy et al., 2018; Pissetti et al., 2021a; Van Boeckel et al., 2019). En general, la resistencia a los antimicrobianos (RAM) ha aumentado de forma exponencial en las dos últimas décadas, especialmente en países en vías de desarrollo, como Ecuador.

Los patógenos de prioridad crítica, como las bacterias gram-negativas resistentes a los antibióticos de último recurso, son amenazas que atentan contra la salud pública a nivel mundial por la incidencia de las enfermedades que provocan y su capacidad de resistir a los tratamientos convencionales, así como su particularidad de transmitir las RAM a otras bacterias por medio de la transferencia de material genético (World Health Organization, 2024).

Esta problemática crece cada vez más, debido a que, tanto en el contexto nacional, tanto en las producciones tradicionales como industriales, la menor rusticidad de los animales a causa del mejoramiento de líneas genéticas ha incrementado los números de animales enfermos por enterobacterias que afloran a causa de los desequilibrios en el microbioma intestinal de los porcinos. Este factor, añadido a la escasa asesoría veterinaria, ocasiona que los medicamentos, en especial antibióticos, se apliquen de forma indiscriminada en los animales, repercutiendo en la calidad de la carne, ocasionando un aumento en la resistencia de las bacterias a estos antimicrobianos y haciendo que cada día sea más difícil y costoso encontrar un tratamiento eficaz (Dadgostar, 2019).

En Europa, los estudios realizados por Bednorz et al. (2013), Impey et al. (2020); Pissetti et al., (2021) y Telhig et al. (2020), informan niveles crecientes de bacterias gram-negativas resistentes a los antibióticos de uso común, con consecuencia del uso indiscriminado de estos, aumentando los costos de la salud pública de forma considerable. Los trabajos de Tubón et al. (2022) y Vinuesa-Burgos et al. (2019) en la industria avícola en la zona norte del país, exponen una alta resistencia de *Salmonella* spp. y *Escherichia coli* frente a las cefalosporinas de tercera generación. En la provincia de Loja, la investigación de Minga (2024) obtuvo una multirresistencia de *Salmonella* spp. frente a ciertas fluoroquinolonas y penicilinas. Sin embargo, en la provincia de Zamora Chinchipe, no existe literatura sobre la resistencia antimicrobiana en animales de granja.

En este contexto, el presente trabajo se centra en responder la siguiente pregunta: ¿Cuáles son las enterobacterias presentes en microbiota de los porcinos de granjas de la provincia de Zamora Chinchipe? Y ¿Estos agentes patógenos son resistentes a los antimicrobianos que se usan con regularidad? A fin de evaluar los microorganismos presentes y de riesgo para mejorar los procesos de producción.

Por tal motivo, se plantea como objetivo principal evaluar la resistencia antimicrobiana de enterobacterias gram-negativas presentes en heces de porcinos en granjas de la provincia de Zamora Chinchipe. Para realizarlo, se pretende aislar e identificar enterobacterias gramnegativas en muestras fecales de cerdos, para después evaluar la sensibilidad antimicrobiana de enterobacterias asiladas y así poder determinar los factores asociados al manejo establecido en estas producciones porcinas.

4. Marco Teórico

4.1. Cerdo (*Sus scrofa domesticus*)

El cerdo (*Sus scrofa*) es un animal doméstico omnívoro de importancia económica, agropecuaria e incluso biomédica. Esta es una de las especies más producidas y consumidas a nivel mundial. Estos animales son criados para obtener principalmente, carne y embutidos. Por ende, la porcicultura se define como la actividad zootécnica que cría, produce y reproduce porcinos con el objetivo de obtener productos y subproductos cárnicos (Giuffra et al., 2000; Raje et al., 2018).

En el Ecuador, en el año 2022, según el censo realizado por el Ministerio de Agricultura y Ganadería (MAG) por medio de la Encuesta de Superficie y Producción Agropecuaria Continua (ESPAC) existían 2 241 394 cerdos en el territorio nacional, donde la región Interandina aportaba con el 50,14 %, la región Litoral el 46,71 % y la Amazonía con el 3,14 % de la población porcina. En el año 2022, se registró en el país un consumo per cápita de 11,7 kg por año, siendo así, la segunda carne más consumida por los ecuatorianos (D. Salazar et al., 2022).

Para los porcicultores, es esencial entender el ciclo de producción porcina y la importancia de llevar las medidas adecuadas, a fin de obtener el mejor rendimiento económico posible del proceso de cría porcina. Las etapas más decisivas de la producción porcina son: el manejo de los lechones lactantes (período de lactancia recomendado: 26 días), y el manejo de los destetados, siendo la primera esencial en determinar el peso vivo final del porcino, y la segunda clave en la mortalidad de la piara (López Vergé et al., 2019).

4.2. Generalidades De Las Granjas Porcinas

Una granja porcina se define como un espacio óptimo para la actividad animal productiva, el cual está destinado a la cría, producción y reproducción porcina. Estas producciones se adaptan a la topografía, condiciones climáticas y factores externos de la zona, a fin de asegurar el éxito de la producción y el buen establecimiento de la empresa agropecuaria (Castellanos, 2012).

En una granja porcina existen diferentes categorías de producción; cerda de levante, cerda madre, cerdo de levante, y verraco. En el Ecuador, en el año 2017, existían 817 676 cerdas de engorde, 106 114 madres, 1 019 570 cerdos de engorde y 26 562 verracos, dando un total de 1 969 922 porcinos en territorio nacional. En el contexto local, la provincia de Zamora Chinchipe, en el año 2022, manejaba 2 981 porcinos (Salazar et al., 2022;ASPE, 2017).

En la provincia de Zamora Chinchipe, de los 2 981 porcinos existentes, el 61,25 % son de raza definida, 20,06 % son criollos y 18,67 % son mestizos. Este dato es de suma importancia, debido a que el manejo de animales puros es mucho más exigente que aquel aplicado a animales mestizos o criollos, esto por la rusticidad que poseen los animales propios de una zona, la cual es mucho mayor a los animales de raza importados (Echeverría & Vidales, 2008; Salazar et al., 2022). Precisamente por estas diferencias en el manejo, existen los tres tipos de granjas porcinas: familiares, comerciales e industriales.

4.2.1. Granjas Familiares

Las producciones porcinas familiares comprenden el 96 % de las producciones porcinas a nivel nacional. En este tipo de granjas los parámetros reproductivos son los menos rentables, ya que ocupan más tiempo en tener una producción similar a las granjas de tipo comercial o industrial. Ejemplo de esto son los días de lactancia, los cuales van entre 56 a 60 días en las producciones familiares, logrando entre 1,0 y 1,5 partos/año(D. Salazar et al., 2022; Torres-Novoa & Hurtado-Nery, 2007).

El rendimiento productivo de una granja porcina de tipo familiar determina que el número promedio de lechones nacidos vivos (LNC) por camada es de 9,1, con un peso individual al nacer de 1,3 kg. El número de lechones destetados es de 7,02. La edad de salida al mercado es de 210 días y el peso con el que se comercializan es de 86 kg en promedio. Estos valores se deben, principalmente, a que la conversión alimenticia (CA) promedio es de 5,5 y la ganancia diaria de peso (GDP) es de 40 g. La alimentación en este tipo de producciones se basa en los desechos orgánicos de las actividades humanas (restos de comida) y balanceado, teniendo una distribución de 80 % y 20 % en la dieta diaria del animal (Echeverría & Vidales, 2008).

4.2.2. Granjas Comerciales

Comprenden el 3 % de las granjas porcinas a nivel nacional. A diferencia de las granjas familiares, las granjas comerciales tienen parámetros productivos y reproductivos más rentables, ya que no buscan sólo la subsistencia familiar, si no que se enfocan en poseer un rédito que permita auto sustentar la actividad productiva. En el ámbito reproductivo de las porcícolas comerciales, el intervalo entre partos es de $146 \pm 0,83$ días, con una lactancia de $21 \pm 0,40$ días, teniendo como resultado $2,00 \pm 0,01$ partos/cerda/año, estos partos dan, como promedio, $10,02 \pm 0,10$ lechones al momento del nacimiento, de los cuales el 87,82 % llegan a ser destetados. Finalmente, en este tipo de producción, la madre presenta el celo post-destete a los $9,00 \pm 0,12$ días (Torres-Novoa & Hurtado-Nery, 2007).

Asimismo, los parámetros productivos también difieren. En la fase de inicio, existe una GDP de 0,84, con una CA de 2,09. En la fase de crecimiento, existe una GDP de 1,03, con una CA de 2,19. En la fase de engorde, en cambio, se presenta una GDP de 0,72 y una CA de 3,37. Los porcinos criados en este tipo de producción, tienden a tener un porcentaje de carne magra del 57,98 %, con un rendimiento a la canal de entre 79-80 %. La alimentación en este tipo de sistemas se basa en la administración de balanceado, casi en su totalidad (Salazar et al., 2020).

4.2.3. Granjas Industriales

Finalmente, las granjas porcinas industriales (0,2 % de la producción porcícola provincial), tienen como objetivo obtener el mayor rendimiento económico en el menor tiempo posible. A pesar de que es uno de los sistemas productivos más rentables, su impacto en el medio ambiente, a causa de la generación de residuos, requiere de un manejo adecuado, de la producción, y exhaustivo, de los deshechos generados por la misma. En las producciones porcinas de tipo industrial, los parámetros reproductivos son claves para lograr el objetivo antes mencionado (Drucker et al., 2003).

Los parámetros reproductivos son sumamente eficientes, por ejemplo, una marrana en sistema intensivo tiene 2,10 partos/año, en cada parto, existe un promedio de 14,10 lechones nacidos totales, de los cuales 13,27 están vivos (LNV), 0,64 nacieron muertos y tan solo 0,19 están momificados. De estos LNV, el promedio de los lechones destetados es de 12,34, con un peso promedio de 5,82 con un destete precoz de 21 días. Finalmente, el porcentaje de abortos en este tipo de producciones de tan solo el 1,06 %, y el intervalo entre el destete y el próximo celo es, en promedio, de tan solo 4,27 días (Ramírez, 2023).

Tabla 1. *Parámetros productivos y reproductivos de las granjas industriales, comerciales y familiares dedicadas a la producción porcina.*

	Granjas industriales	Granjas comerciales	Granjas familiares
% de producciones a nivel nacional	0,2	3	96
Parámetros reproductivos			
Intervalo entre partos	132,27 días	146 ± 0,83 días	178,4 – 188,4 días
Tiempo de lactancia	17 ± 0,3 días	21 ± 0,40 días	50 a 60 días
Partos/cerda/año	2,10	2,00 ± 0,01	1,0 a 1,5
Lechones/parto	14,10	10,02 ± 0,10	9,1
Celo post-destete	4,27 días	9,00 ± 0,12 días	13,4 días
Parámetros productivos			
GDP	81 gr/día	72 gr/día	40 gr/día
CA	1,6	3,37	5,5

Nota. Adaptado de (Drucker et al., 2003; Echeverría & Vidales, 2008; Ramírez, 2023; Torres-Novoa & Hurtado-Nery, 2007)

4.3. Microbiota Porcina

La microbiota intestinal porcina está dominada por los filos Firmicutes, Bacteroidetes (familias presentes en la microbiota intestinal de la mayoría de los mamíferos terrestres). Esta microbiota puede ser alterada por factores como la edad, el sexo, la genética del hospedador, el tipo de destete aplicado y el estrés del manejo diario del animal. Cuando los niveles de cortisol se encuentran alterados de forma constante, incrementa la susceptibilidad a enfermedades gastrointestinales, desembocando en una disbiosis intestinal que es habitual en lechones recién destetados. El equilibrio en la microbiota porcina es esencial para la homeostasis metabólica y para mantener un nivel de respuesta inmunitaria óptima (Fouhse et al., 2016; Gresse et al., 2017; Isaacson & Kim, 2012; Mariat et al., 2009; Patil et al., 2020; Zhang et al., 2018).

4.3.1. Microorganismos Presentes En La Microbiota Porcina

En los lechones recién nacidos, la microbiota intestinal está dominada por bacterias como *Escherichia coli*, *Shigella flexneri*, entre otros. Sin embargo, después del destete, los niveles de *Escherichia coli* y clostridios aumentan de forma significativa, mientras que los lactobacilos disminuyen considerablemente. Conforme aumenta la edad del animal, la proporción de Firmicutes: Bacteroidetes incrementa. En cerdos adultos, la microbiota del intestino delgado está dominada por agentes aerobios y anaerobios facultativos, mientras que en el intestino grueso predominan los anaerobios (Chen et al., 2021; Xiao et al., 2016).

De una forma general, Merchant & Parker (1970) mencionan que las enterobacterias son los microorganismos predominantes en la microbiota porcina. Este tipo de bacterias crecen bien en medios artificiales de cultivo, tienen una predilección por los hidratos de carbono (de las cuales obtienen ácido y gas), reducen los nitratos y nitritos, de las cuales destacamos para el presente estudio:

- ***Escherichia spp.***: Destacan cuatro cepas implicadas en procesos diarreicos: *E. coli* enteropatógeno (ECEP), *E. coli* enterotoxigénico (ECET), *E. coli* enteroinvasivo (ECEI) y *E. coli* enterohemorrágico (ECDA) (Picazo et al., 1993).

- ***Enterobacter spp.***: Son patógenos oportunistas que causan infecciones urinarias y respiratorias en pacientes inmunodeprimidos. Posee dos especies de relevancia médica: *E. cloacae* y *E. aerógenes*, los cuales destacan por permanecer en entornos con condiciones no idóneas para patógenos oportunistas (Gaston, 1988; Healy et al., 2010; Wu et al., 2019).
- ***Proteus spp.***: Caracterizados por tener varios factores de virulencia, destacando a la ureasa. Tiene la capacidad de adaptarse a condiciones ambientales adversas, como altas concentraciones de metales pesados. Destacan *P. mirabilis* y *P. vulgaris* (Gu et al., 2020; Manos & Belas, 2006; W. Wu et al., 2019).
- ***Klebsiella spp.***: Es un patógeno oportunista que se transmite por alimentos o agua contaminados. Se encuentra en el medio ambiente y en el tracto gastrointestinal. En porcinos, puede provocar neumonía, enteritis y septicemia. Destacan especies como *K. pneumoniae*, la cual tiene la capacidad de causar producciones extraintestinales (Hu et al., 2021).

4.4. Caracterización De Enterobacterias

En el trabajo de laboratorio, la identificación de las bacterias Gram-negativas puede realizarse por medio de cultivos bacteriológicos que parten de heces o hisopados rectales, empleando agares específicos para detectar cierto tipo de bacterias, por ejemplo, el agar McConkey detecta a *Klebsiella spp.*, el agar MRS detecta a *Lactobacillus spp.*, entre otros (Echeverría & Vidales, 2008).

También pueden emplearse cromoagares. Este tipo de agares se basan en la detección precisa de la actividad enzimática y la tinción de precipitación localizada en la colonia, permitiendo una detección de microorganismos basándose en una molécula soluble incolora llamada cromógeno, compuesta por un sustrato, que se centra en una actividad enzimática específica y cromóforo (Gaskin et al., 2022).

Otras herramientas que se han desarrollado son los catálogos genéticos y genómicos ensamblados a partir de meta genomas (MAGs), aunque también existen métodos específicos como la secuenciación de amplicones 16S que permitan mapear la

microbiota en las diferentes microbiotas intestinales (Chen et al., 2021; Dowd et al., 2008; Xiao et al., 2016; Zhang et al., 2018).

4.5. Antibióticos

Para combatir estos microorganismos, existen varias alternativas terapéuticas. Los antibióticos son la mejor opción, específicamente los siguientes grupos: las betalactamasas, los antibióticos que actúan sobre los ribosomas bacterianos y los antibióticos sintetizadores del ácido fólico.

4.5.1. *Betalactamasas*

Son antibióticos que tienen como núcleo un anillo central. Incluye a las penicilinas, cefalosporinas e inhibidores de las betalactamasas. La principal característica de estos antibióticos es que tienen la capacidad de unirse a enzimas necesarias para la síntesis de la pared celular bacteriana, inactivándolas.

- **Penicilinas**

Incluye a la ampicilina y penicilina. Son compuestos bicíclicos que, en un inicio, mostraron una gran eficacia contra cocos gramnegativos. Las cepas de resistencia a este grupo son comunes en la familia Enterobacteriaceae. Aunque son medicamentos esenciales para las infecciones bacterianas, existen bacterias que producen enzimas betalactamasas, como *Escherichia coli* y *Klebsiella* spp. por este motivo, suelen agruparse con inhibidores de las betalactamasas como el sulbactam o el ácido clavulánico (Mora-Ochomogo & Lohans, 2021; Nathwani & Wood, 1993).

- **Cefalosporinas**

Son antibióticos destacados por su baja toxicidad y amplio espectro de actividad. La cefalexina, de primera generación, y la cefuroxima, de segunda; incrementan poco a poco su espectro contra las bacterias gramnegativas. Sin embargo, las últimas generaciones como la tercera, cuarta o quinta son aún más efectivas contra este grupo. Estudios recientes demuestran que cefiderocol, una nueva cefalosporina, emplea el transporte de hierro bacteriano para tener acción intracelular y actuar en bacterias multirresistentes (Kemp, 1984; Ong'uti et al., 2022; Williams, 1987).

- **Inhibidores de las betalactamasas**

Si bien no son un grupo exclusivo de antimicrobianos, son compuestos que se utilizan para proteger los antibióticos betalactámicos de las enzimas betalactamasas de las bacterias gramnegativas antes mencionadas. Son muy efectivos contra las betalactamasas de clase A y C (que inhiben las cefalosporinas y penicilinas), pero su actividad se limita con la clase B y D (inhiben carbapenémicos y ciertas cefalosporinas) (Bush, 1988; Carcione et al., 2021; Lomovskaya et al., 2022).

4.5.2. Antibióticos dirigidos a las subunidades ribosomales

- **Subunidad ribosómica 30S:** Son antibióticos que actúan sobre la subunidad 30S. Los aminoglucósidos, como la estreptomicina, ocasionan una lectura errónea del ARNm, mientras que la tetraciclina, impiden la unión de los ARNt elongadores. Este grupo de antibióticos afecta directamente la precisión de la síntesis proteica, interrumpiendo su traducción y elongación. Recientemente se han visto mutaciones de la proteína ribosómica L4 que confiere resistencia frente a los antibióticos de esta categoría (Barrenechea et al., 2021; Carter et al., 2000).

4.5.3. Antibióticos inhibidores de topoisomerasas del ADN

Las topoisomerasas del ADN son enzimas esenciales que rigen la correcta topología de este durante procesos críticos. Las fluoroquinolonas, como la levofloxacin y enrofloxacin, pertenecientes a este grupo, tienen una actividad de amplio espectro que inhibe, principalmente, la ADN girasa bacteriana. Son especialmente efectivas contra bacterias gramnegativas. Sin embargo, han sido identificadas como microcontaminantes ambientales, por su eliminación incompleta en el tratamiento de aguas residuales (Ko et al., 2019; H. H. H. Mohammed et al., 2019).

4.5.4. Antibióticos sintetizadores del ácido fólico

La síntesis del ácido fólico es esencial en las bacterias porque es el primer paso para la producción de aminoácidos. Los antibióticos capaces de inhibir esta biosíntesis, como el sulfametoxazol y la trimetoprima, difieren en el transporte, metabolismo y objetivos intercelulares del folato. Sin embargo, la creciente resistencia a estos antibióticos ocasiona que las bacterias sigan sintetizando este compuesto aún con la presencia del antimicrobiano (Chang et al., 2021; Feng et al., 2023).

4.6. Estudios en base a la Resistencia Antimicrobiana y Microbiota Porcina

La microbiota de los lechones recién nacidos está dominada por bacterias como *Escherichia coli* y *Lactobacillus reuteri*, sin embargo, tras el destete hay una disminución significativa de estos últimos mientras que los niveles de *Escherichia coli* aumentan de manera significativa, en este medio también es posible encontrar *Klebsiella pneumoniae* y *Klebsiella oxytoca* (Klaper et al., 2021; Konstantinov et al., 2006; Leangapichart et al., 2021; Y. Zhao et al., 2021).

En cerdos adultos, la microbiota intestinal está dominada por aerobios o anaerobios facultativos, mientras que en el intestino grueso predominan los anaerobios, esto refleja en los estudios coprológicos, donde la composición microbiana reflejada es similar a la del intestino grueso, cabe mencionar que la microbiota intestinal también se ve afectada por la cantidad de grasa corporal que posea el animal, donde especies como *Escherichia* spp. tienen una mayor presencia en cerdos con mayor grasa (Yang et al., 2016; W. Zhao et al., 2015).

Por otro lado, diversos estudios indican que la resistencia antimicrobiana en bacterias gramnegativas es un problema creciente debido a su estructura celular y sus mecanismos de resistencia desarrollados, como la producción de betalactamasas, propia de *Escherichia coli* y *Klebsiella* spp. Además, la modificación de las proteínas de su membrana externa y la mutación de los sitios de acción antimicrobiana, donde esta última afecta directamente a las fluoroquinolonas (Arzanlou et al., 2017; Gauba & Rahman, 2023).

El uso de antimicrobianos en granjas porcinas está positivamente asociado con la frecuencia de resistencia a fármacos por parte de bacterias como *Escherichia coli*. Este impacto se refleja en la composición de la microbiota fecal y la diversidad bacteriana, las cuales, aunque cambian con la dieta y edad del animal, casi no presentan efectos frente al tratamiento con antimicrobianos, especialmente a los beta-lactámicos y fluoroquinolonas. Asimismo, la suplementación con zinc y hierro en la alimentación de lechones aumenta la proporción de *Escherichia coli* multirresistentes (Bednorz et al., 2013; Pissetti et al., 2021b; Van Gompel et al., 2019).

4.6.1. Mecanismos de resistencia

Dentro de los muchos mecanismos de resistencia desarrollados por las enterobacterias, además de la producción de las betalactamasas y las mutaciones de los sitios de acción y de la membrana bacteriana, se destaca la resistencia intrínseca y adquirida:

- **Resistencia Intrínseca**

Esta resistencia, hace referencia a la resistencia natural de ciertas bacterias frente a determinados antibióticos (por ejemplo, *Escherichia coli* frente a la penicilina). Algunos de estos métodos son el eflujo efectivo, la reducción de permeabilidad o la formación de biopelículas (Gaubá & Rahman, 2023a; Impey et al., 2020; Telhig et al., 2020; Varela et al., 2021).

- **Resistencia Adquirida**

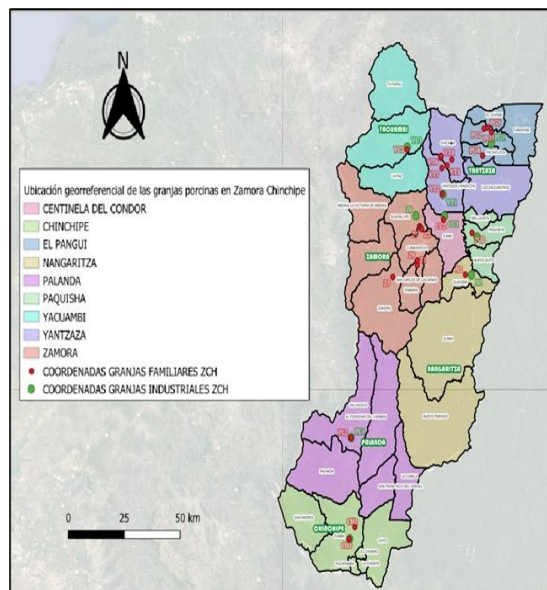
Mientras que la resistencia adquirida, engloba a las mutaciones o a la adquisición de elementos genéticos móviles que aportan genes de resistencia. La exposición a agentes antimicrobianos es la forma más frecuente para que las bacterias adquieran la resistencia a determinados fármacos (Gaubá & Rahman, 2023a; Impey et al., 2020; Telhig et al., 2020).

5. Material y Métodos

5.1. Área de estudio

El estudio se llevó a cabo en la provincia de Zamora Chinchipe, situada al sur del Ecuador, a una altitud de 1 548 metros sobre el nivel del mar, clima tropical y una temperatura promedio de 30 °C. Cubre una extensión de 10 584 km² (Figura 1) (Jiménez, 2005).

Figura 1. *Ubicación geográfica de las granjas de la provincia de Zamora Chinchipe.*



Nota. En la figura se muestra la distribución georreferencial de las granjas porcinas tanto familiares (puntos rojos) como industriales (puntos verdes) en la provincia de Zamora Chinchipe.

5.2. Procedimiento

5.2.1. Enfoque de la investigación

El presente estudio tuvo un enfoque cuantitativo, ya que los parámetros a investigar fueron específicos desde el inicio del estudio y las hipótesis establecidas previamente. La medición y los procedimientos estadísticos respaldan la recolección de datos y el análisis. Cabe destacar, que los resultados obtenidos de la muestra fueron extrapolados a la población.

5.2.2. Diseño de la investigación

La investigación tuvo un diseño observacional descriptivo de corte transversal, se tomaron muestras de cada producción en un solo momento y se describieron las características de las enterobacterias aisladas en la microbiota porcina (género de las bacterias, niveles de resistencia, características de manejo que les favorecen, etc.).

5.2.3. Tamaño de la muestra y tipo de muestreo

Para la selección de las granjas porcinas para este estudio se realizó un muestreo de tipo no probabilístico, por conveniencia y estratificado en el cual se incluyeron las granjas porcinas tradicionales (≤ 10 madres) e industriales (> 10 madres) cuyos propietarios permitieron el acceso a las granjas. En total se recolectó información de 35 granjas porcinas (26 tradicionales y 9 industriales). En cada granja se tomaron muestras de heces al azar de 5 animales como máximo por cada categoría (Tabla 2).

Tabla 2. Cantidad de granjas seleccionadas según el cantón.

Cantón	Código de referencia	Cantidad de granjas seleccionadas		
		Tradicionales	Industriales	Total
Zamora	Z	8	1	9
Chinchipe	CH	2	1	3
Nangaritza	N	1	1	2
Yacuambi	YC	1	1	2
Yantzaza	YT	6	1	7
El Pangui	PG	4	1	5
Centinela del Cóndor	CC	1	1	2
Palanda	PL	2	1	3
Paquisha	PQ	1	1	2
TOTAL		26	9	35

Nota: Información obtenida de ASPE (2024).

5.2.4. Técnicas

El estudio se dividió en dos etapas: una fase de campo y otra de análisis de laboratorio.

5.2.4.1. Fase de campo.

- **Toma y transporte de muestras**

Se recolectó muestras de heces directo del recto en envases herméticos previamente rotulados y se transportaron a una temperatura de 2 a 8 °C, en un cooler con gel refrigerante al laboratorio designado, donde se congelaron a -18 °C hasta el análisis de laboratorio (Pituco et al., 2017) (Anexo 2).

- **Recolección de la información epidemiológica**

Durante el muestreo, se aplicó una encuesta epidemiológica en la que se recogió información respecto a los posibles factores asociados a la presencia de enterobacterias (Anexo 1).

5.2.4.2. Análisis de laboratorio

- **Pre-enriquecimiento**

Se realizaron pools de heces de cada granja con concentración 1:10, para después diluir la muestra hasta la 10⁻², pudiendo inocular los medios diferenciales: EMB agar y MacConkey agar, por medio del estriado en placa e incubando de 18 a 24 h. La caracterización macroscópica se realizó en base a la tabla 4.

- **Inoculación en medios diferenciales**

- MacConkey agar No.3
- EMB agar TM 336

Tabla 3. Comparación macroscópica de las colonias.

MacConkey agar	
Bacteria	Apariencia
<i>Escherichia</i> spp.	Colonias de color rosa o rojo
<i>Enterobacter</i> spp.	Colonias rosadas (lactosa positiva)
<i>Proteus</i> spp.	Colonias blancas o incoloras
<i>Klebsiella</i> spp.	Colonias grandes, mucoides y rosadas
EMB agar	
Bacteria	Apariencia

<i>Escherichia</i> spp.	Colonias negro-azuladas con brillo metálico
<i>Enterobacter</i> spp.	Colonias de color rosa, sin brillo
<i>Proteus</i> spp.	Colonias exuberantes, de color blanco o incoloro
<i>Klebsiella</i> spp.	Mucosas confluentes con centro oscuro

Nota: Información obtenida de (Rossi, 2021a).

- **Aislamiento de cultivos puros**

Este método se realizó una caracterización macroscópica en base al crecimiento de los dos medios selectivos para luego aislar cultivos puros, empleando en este caso EMB agar.

- **Confirmación en pruebas bioquímicas**

Para la identificación bioquímica de la bacteria se realizarán siembras en tubo de los medios específicos LIA, TSI y Citrato.

- **CHROMagar**

La prueba se realizó con las colonias identificadas en el cultivo puro, empleando siembra directa, pudiendo interpretar los resultados pueden tras 18-24 h de incubación aeróbica a 35-37 °C (Gaskin et al., 2022).

- **Comparación macroscópica de las colonias en base al medio de cultivo**

Tabla 4. Comparación macroscópica de las colonias en el CHROMagar.

CHROMagar™ ESBL	
Bacteria	Aspecto de las colonias
<i>Escherichia coli</i> BLEE	Rosa oscuro a rojo
<i>Enterobacter</i> <i>Klebsiella</i>	Azul metálico (presencia o ausencia de halo rojo)
<i>Proteus</i> BLEE	Halo marrón

Nota: Información obtenida de (Gaskin et al., 2022).

- **Resistencia**

Con el método de Kirby Bauer se realizó el ajuste en el inóculo de McFarland al 0,5 %, para después inocular las placas Muller-Hilton empleando hisopos estériles. Se colocó los discos con una distancia de 20 - 30 mm del borde y entre ellos. Los antibióticos empleados para el estudio fueron: Penicilina (10 UI), Cefalexina (30 mg), Estreptomina (10 mg), Sulfametoxazol/Trimetoprima (25 mg), Tetraciclina (30 mg), Ampicilina/Sulbactam (20 mg), Levofloxacina (5mg), Fosfomicina (200 mg), Enrofloxacin (5 mg) y Cefuroxima (30 mg). Se realizó la interpretación en base al CLSI edición 33 y 34.

5.3. Procesamiento Y Análisis De La Información

Se realizó estadística descriptiva utilizando tablas de frecuencia absoluta y relativa para representar la presencia o ausencia de los microorganismos identificados y su resistencia a los antibióticos. Para determinar la asociación entre las variables de manejo y la presencia de enterobacterias se utilizó el test exacto de Fisher. Para la tabulación de los datos se utilizó el programa Excel 2016 y para el análisis de los datos el programa estadístico libre R versión 4.4.1.

5.4. Consideraciones Éticas

La presente investigación es de tipo observacional descriptiva, por lo que no existe intervención o administración de algún elemento externo que ponga en riesgo la salud de los animales y bienestar de estos. De todos modos, se aseguró el bienestar animal durante la recolección de las muestras, evitando el estrés y malestar en los cerdos.

6. Resultados

Tras realizar el estudio en las 35 granjas porcinas seleccionadas en la provincia de Zamora Chinchipe, y en base a la encuesta realizada, se determinó que el sistema de crianza tradicional predomina con el 74,29 %, una alimentación en su mayoría compuesta por pellets (60 %), y la limpieza del silo se realiza más de 4 veces al año (71,43 %). En las granjas muestreadas, las enfermedades del tracto gastrointestinal fueron las más frecuentes (28,57 %) y los productos veterinarios más empleados fueron los antibióticos (42,86 %) (Tabla 5).

Tabla 5. Características de las granjas porcinas muestreadas

Característica	N	%
Tipo de granja		
Industrial	9	25,71
Tradicional	26	74,29
<i>Total</i>	35	100,00
Alimento		
Harina fina molida	14	40,00
Pellets	21	60,00
<i>Total</i>	35	100,00
Frecuencia de limpieza del silo		
Menos de 4 veces al año	10	28,57
Más de 4 veces al año	25	71,43
<i>Total</i>	35	100,00
Enfermedades más frecuentes		
Muerte súbita	1	2,86
Reproductivas	3	8,57
Respiratorias	3	8,57
Heridas de la piel	5	14,29
Tracto gastrointestinal	10	28,57
No poseen ninguna enfermedad	13	37,14
<i>Total</i>	35	100,00
Medicamentos		
Antiinflamatorios	1	2,86
Probióticos	1	2,86
Eterol	1	2,86
Desparasitantes	2	5,71
Vacunas	6	17,14
Vitaminas	8	22,86
Antibióticos	16	45,72
<i>Total</i>	35	100,00

6.1. Identificación de enterobacterias gram-negativas

En el 88,75 % de las granjas se aislaron enterobacterias, de las cuales el 74,29 % corresponde a *Escherichia coli*; 25,71 % a *Proteus spp.* y el 2,86 % a *Enterobacter spp.* (Tabla 6).

Tabla 6. Enterobacterias identificadas en las granjas porcinas.

Enterobacterias	N	%
Negativo	4	11,43
Positivo	31	88,57
Total	35	100,00
Géneros		
<i>Escherichia coli</i>		
Negativo	9	25,71
Positivo	26	74,29
Total	35	100,00
<i>Proteus spp.</i>		
Negativo	26	74,29
Positivo	9	25,71
Total	35	100,00
<i>Enterobacter spp.</i>		
Negativo	34	97,14
Positivo	1	2,86
Total	35	100,00

A nivel de los 53 pools analizados, la bacteria más frecuente fue *Escherichia coli* (68 %), seguido de *Proteus spp.* (23 %) y *Enterobacter spp.* (2 %). En las granjas industriales, se dividieron las muestras según la categoría a la que pertenecen: engorde, madres y verracos, arrojando que *Escherichia coli* se encuentra en mayor cantidad (63,20 %) en madres y verracos, a diferencia de *Proteus spp.*, el cual tenía mayor presencia en la categoría de engorde (57,10 %) (Tabla 7). Mientras que existió la ausencia de *Enterobacter spp.*

Tabla 7. Presencia de *Escherichia coli* y *Proteus spp.* por categorías de producción en granjas industriales.

Categoría	<i>Escherichia coli</i>		<i>Proteus spp.</i>	
	N	%	N	%
Engorde				
Negativo	14	73,70	3	42,90
Positivo	5	26,30	4	57,10
<i>Total</i>	19	100,00	7	100,00

Madres				
Negativo	12	63,20	5	71,40
Positivo	7	36,80	2	28,60
<i>Total</i>	19	100,00	7	100,00
Verracos				
Negativo	12	63,20	6	85,70
Positivo	7	36,80	1	14,30
<i>Total</i>	19	100,00	7	100,00

6.2. Determinación de resistencia antimicrobiana en enterobacterias aisladas

La resistencia fue evaluada en base a las bacterias aisladas por granja. En el caso de *Escherichia coli*, los antibióticos resistentes fueron: Penicilina (100 %), Cefalexina (96,15 %), Trimetoprima-Sulfametoxazol (73,08 %), Estreptomina (65,38 %), y Tetraciclina (50 %). En lo referente a *Proteus spp.*, los antibióticos resistentes fueron Penicilina (100 %), Ampicilina/Sulbactam (100 %), Cefalexina (88,89 %), Tetraciclina (88,89 %) y Estreptomina (55,56 %) (Tabla 8).

Tabla 8. Resistencia de las cepas de *Escherichia coli* y *Proteus spp.* aisladas en las granjas porcinas.

<i>Escherichia coli</i>						
Antimicrobiano	Rangos establecidos por el CLSI Ed. 34			Resistencia		
	S (mm)	I (mm)	R (mm)	S (%)	I (%)	R (%)
P* 10	≥ 15	-	≤ 14	0 (0)	0 (0)	26 (100)
CL* 30	≥ 23	20-22	≤ 19	0 (0)	1 (3,85)	25 (96,15)
S* 10	≥ 15	12-14	≤ 11	4 (15,38)	5 (19,23)	17 (65,38)
SXT* 25	≥ 16	11-15	≤ 10	7 (26,92)	1 (3,85)	19 (73,08)
TE* 30	≥ 15	12-14	≤ 11	3 (13,05)	8 (34,78)	13 (50)
SAM* 20	≥ 15	12-14	≤ 11	22 (84,62)	4 (15,38)	0 (0)

<i>Proteus spp.</i>						
Antimicrobiano	Rangos establecidos por el CLSI Ed. 34			Resistencia		
	S (mm)	I (mm)	R (mm)	S (%)	I (%)	R (%)
P* 10	≥ 15	-	≤ 14	0 (0)	0 (0)	9 (100)
CL* 30	≥ 23	20-22	≤ 19	1 (11,11)	0 (0)	8 (88,89)
S* 10	≥ 15	12-14	≤ 11	2 (22,22)	2 (22,22)	5 (55,56)
SXT* 25	≥ 16	11-15	≤ 10	5 (55,56)	0 (0)	4 (44,44)
TE* 30	≥ 15	12-14	≤ 11	1 (11,11)	0 (0)	8 (88,89)

SAM* 20	≥ 15	12-14	≤ 11	0 (0)	0 (0)	9 (100)
----------------	------	-------	------	-------	-------	---------

*P = penicilina 10 mg. CL = cefalexina 30 mg. S = estreptomicina 10 mg. SXT = sulfametoxazol + trimetoprima 25 mg. TE = tetraciclina 30 mg. SAM = ampicilina + sulbactam 20 mg

Nota. S = Sensible I=intermedio R = Resistente

Finalmente, las cepas de *Enterobacter* spp. aisladas fueron resistentes a Penicilina, Cefalexina, Estreptomicina, Trimetoprima-Sulfametoxazol y Tetraciclina, todas con el 100 % de resistencia (Tabla 9).

Tabla 9. Resistencia de las cepas de *Enterobacter* spp. aisladas en las granjas porcinas.

Antimicrobiano	Rangos establecidos por el CLSI Ed. 34			Resistencia		
	S (mm)	I (mm)	R (mm)	S (%)	I (%)	R (%)
Penicilina 10 mg	≥ 15	-	≤ 14	0 (0)	0 (0)	1 (100)
Cefalexina 30 mg	≥ 23	20-22	≤ 19	0 (0)	0 (0)	1 (100)
Estreptomicina 10 mg	≥ 15	12-14	≤ 11	0 (0)	0 (0)	1 (100)
Sulfametoxazol+Trimetropima 25 mg	≥ 16	11-15	≤ 10	0 (0)	0 (0)	1 (100)
Tetraciclina 30 mg	≥ 15	12-14	≤ 11	0 (0)	0 (0)	1 (100)
Ampicilina+Sulbactam 20 mg	≥ 15	12-14	≤ 11	1 (100)	0 (0)	0 (0)
Cefuroxima 30 mg	≥ 18	15-17	≤ 14	1 (100)	0 (0)	0 (0)
Fosfomicina 200 mg	≥ 16	13-15	≤ 12	1 (100)	0 (0)	0 (0)
Levofloxacin 5 mg	≥ 21	17-20	≤ 16	1 (100)	0 (0)	0 (0)
Enrofloxacin 5 mg	-	-	≤ 4	1 (100)	0 (0)	0 (0)

6.3. Factores de manejo asociados a la presencia de enterobacterias

Al relacionar la presencia de *Escherichia coli* (Tabla 10), *Proteus* spp. y *Enterobacter* spp. con los factores de manejo de la granja como: el uso previo de antibióticos, el manejo de los desechos sólidos o la frecuencia de limpieza; no hubo diferencia significativa, por ende, no existe asociación entre las variables ($p>0,05$).

Tabla 10. Factores asociados a la presencia de *Escherichia coli* en las granjas porcinas.

Categoría	Ausencia N (%)	Presencia N (%)	P valor
Tipo de Alimento			
Harina fina molida	2 (14,3)	12 (85,7)	0,262

Pellets	7 (33,3)	14 (66,7)	
<hr/>			
Limpieza del silo			
Menos de 4 veces al año	2 (20,0)	8 (80,0)	1,000
Más de 4 veces al año	7 (28,0)	18 (72,0)	
<hr/>			
Presencia de otros animales en la granja			
No	1 (10,0)	9 (90,0)	0,235
Si	8 (32,0)	17 (68,0)	
<hr/>			
Control de roedores en la granja			
No	4 (33,3)	8 (66,7)	0,685
Si	5 (21,7)	18 (78,3)	
<hr/>			
Eliminación del purín a través de la zona sucia			
No	8 (27,6)	21 (72,4)	1,000
Si	1 (16,7)	5 (83,3)	
<hr/>			
Período sin visitas a otras granjas o instalaciones relacionadas con porcino (más de 12 horas) para todos los visitantes			0,553
No	9 (28,1)	23 (71,9)	
Si	0 (0,0)	3 (100)	
<hr/>			
El estiércol de otras explotaciones se esparce en prados en un radio de 500 m alrededor de la granja			0,685
No	4 (33,3)	8 (66,7)	
Si	5 (21,7)	18 (78,3)	
<hr/>			
El ganadero siempre utiliza y sigue un plan de vacunación predefinido y un protocolo de manejo (aditivos, pre o probióticos, etc.)			0,586
No	2 (40,0)	3 (60,0)	
Si	7 (23,3)	23 (76,7)	
<hr/>			
Se manipulan/visitan los cerdos enfermos después de los sanos			0,162
No	4 (50,0)	4 (50,0)	
<hr/>			

Si	5 (18,5)	22 (81,5)	
<hr/>			
Las cerdas se lavan antes de ser trasladadas a la sala de partos			
Nunca	0 (0,0)	3 (100,0)	0,553
Siempre	9 (28,1)	23 (71,9)	
<hr/>			
Número de veces que se manipulan los lechones (por ejemplo, vacunación, castración, corte de colmillos) entre el nacimiento y el destete			
1	3 (30,0)	7 (70,0)	0,945
2	2 (28,6)	5 (71,4)	
3	3 (20,0)	12 (80,0)	
4	1 (33,3)	2 (66,7)	
<hr/>			
Se lavan y/o desinfectan las manos entre las diferentes naves o fases productivas			
Algunas veces	3 (42,9)	4 (57,1)	0,413
Nunca	4 (26,7)	11 (73,3)	
Siempre	2 (15,4)	11 (84,6)	
<hr/>			
Se limpian y desinfectan las naves/salas después de cada ciclo de producción			
No	1 (33,3)	2 (66,7)	1,000
Si	8 (25,0)	24 (75,0)	
<hr/>			
Hay pediluvios y/o lavabotas en la entrada de la granja y se utilizan			
No	8 (26,7)	22 (73,3)	1,000
Si	1 (20,0)	4 (80,0)	
<hr/>			

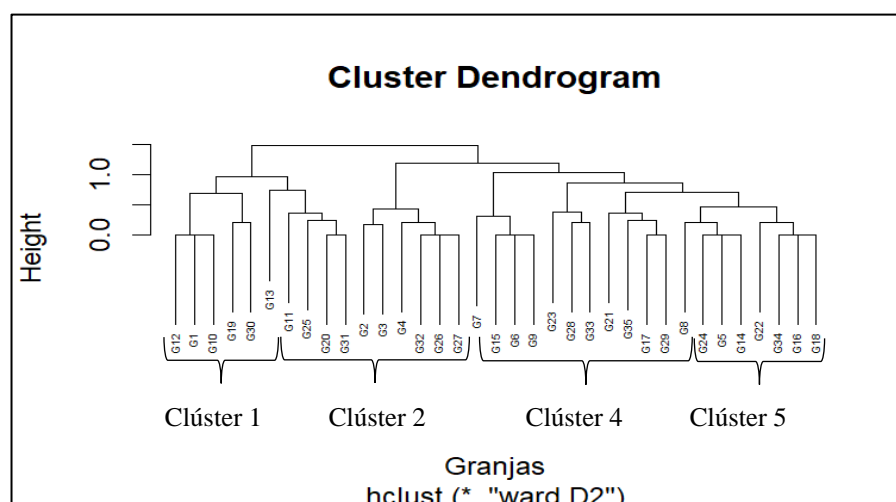
6.3.1. Análisis de grupos

En el análisis de agrupamiento a través del dendrograma, se pudo evidenciar que las variables con mayor importancia para la clasificación de las granjas son las enfermedades presentes en la producción, los medicamentos empleados, el tipo de

alimento y la frecuencia de limpieza del silo, además de la presencia de *Escherichia coli*. Las granjas se encuentran agrupadas en 4 clusters bien definidos:

- El clúster 1 tiene un sistema de crianza comercial, brinda una alimentación totalmente compuesta por balanceado, se realiza una limpieza del silo de más de 4 veces al año en promedio, los desparasitantes y las vitaminas son los medicamentos más empleados, y existe una alta presencia de *Escherichia coli*, y una leve presencia de *Proteus spp.*
- El clúster 2 tiene un sistema de crianza tradicional en su mayoría, una alimentación mixta compuesta tanto por balanceado como lavaza, realizan una limpieza del silo de más de 4 veces al año, emplean con mucha frecuencia los antibióticos para “vitaminizar”, el 50 % de las granjas tiene presencia de *Escherichia coli*, y una baja presencia de *Proteus spp.* y *Enterobacter spp.*
- El clúster 3 contiene granjas tanto tradicionales como industriales, la alimentación más frecuente es la lavaza, realizan una limpieza moderada del silo, ocupan una amplia gama de medicamentos pero no antibióticos, y existe una alta incidencia de *Escherichia coli*, pero una baja presencia de las otras enterobacterias.
- El clúster 4 tiene un sistema de crianza tradicional, brindan tanto balanceado como lavaza, todas las producciones limpian el silo más de 4 veces al año, la mayoría de las granjas presentan enfermedades de la piel y emplean una amplia gama de medicamentos pero no antibióticos. Además, tienen una alta presencia de *Escherichia coli*, y casi nula de las otras bacterias.

Figura 2. Dendrograma de las granjas de estudio



7. Discusión

En el presente estudio se determinó que el 74,29 % de las granjas porcinas de la provincia de Zamora Chinchipe son de tipo tradicional; esta relación es similar a la obtenida por la Asociación de Porcicultores del Ecuador (ASPE) (2017), quienes afirman que la mayoría de las producciones porcinas en el país se consideran de tipo familiar. Valverde Lucio et al. (2021) mencionan que, en el Ecuador, estas granjas se caracterizan por ser pequeñas y vinculadas a la economía local, además tienen razas locales por su rusticidad, lo que facilita su cría en sistemas extensivos y por ende, su alimentación con productos locales procesados mínimamente. Sin embargo, los riesgos sanitarios en estas producciones son considerables por la falta de control veterinario y las prácticas de cría deficientes en materia de bioseguridad (Eugène et al., 2021; Huang et al., 2020; Leslie et al., 2015; Molnár et al., 2021; Relun et al., 2015; Valverde Lucio et al., 2021).

Por otra parte, la alimentación en las granjas estudiadas fueron pellets en su mayoría (60 %) y el lugar donde se almacena el alimento se limpia más de cuatro veces al año (71,43 %), así también las enfermedades gastrointestinales son las más frecuentes (28,57 %). Esto difiere con el estudio realizado en Loja por Solano (2024), quien obtuvo, en mayor porcentaje *Proteus* spp. (62 %), aislado en granjas familiares, donde los cerdos son alimentados con lavaza y con una frecuencia de limpieza de más de 4 veces al año. En cuanto a la conformación de las granjas porcinas, los resultados del estudio mostraron que las granjas en Zamora Chinchipe están constituidas por lechones, cerdos de engorde, madres y verracos, lo que coincide con lo que mencionan Leslie et al. (2015), quienes indican que en las producciones de tipo familiar o tradicional existen como promedio, cinco individuos por piara en varias categorías.

En cuanto a los microorganismos aislados por coprocultivo en esta investigación, el 88,57 % pertenecen a la familia Proteobacteria. Según Liang et al., (2023) y W. Zhao et al. (2015) la microbiota porcina se compone en un 98,9 % de bacterias, abarcando a la familia Bacteroidetes (14,0 %) y Proteobacteria (10,1 %). Reafirmando las cifras obtenidas en el presente estudio.

Dentro de los microorganismos que afectan a los cerdos, las bacterias son los agentes más comunes de las enfermedades gastrointestinales, por ejemplo: *Escherichia coli*, junto con *Salmonella* spp., son las principales bacterias implicadas en cuadros entéricos (Fouhse et al., 2016b; Stetsko, 2022; Verteletski et al., 2024). En el presente estudio, el 74,29 % de las granjas resultó positivo a *Escherichia coli*, coincidiendo con los trabajos de L. Wang et al. (2022) y Mountzouris et al. (2006) quienes demuestran que esta bacteria (tanto cepas patógenas como saprófitas) forma parte de la microbiota del intestino porcino.

Asimismo, el 25,71 % de las granjas resultaron positivas a *Proteus* spp. Estos datos son similares a los obtenidos por Girlich et al. (2020a) y Hamilton et al. (2018), quienes mencionan que esta bacteria está ocupando el 19% de microorganismos presentes en el íleon, una variación en el porcentaje presente en el intestino puede generar cuadros de gastroenteritis asociados a disentería, tal como mencionan Shin et al. (2015) y (Müller, 1986). Por último, el 2,86 % de enterobacterias identificadas, pertenecieron al género *Enterobacter* spp. Sassone-Corsi et al. (2016), Stecher (2015) y Zimmermann et al. (2019) en un estudio realizado in vivo, donde el 12 % de animales experimentó cuadros entéricos inflamatorios y por consecuente tratamientos antibióticos, evidenciaron que esta bacteria está presente en la microbiota intestinal de individuos sanos, ocupando menos del 1 % (Baryshnikova et al., 2021; Zimmermann & Curtis, 2019).

La importancia de las enterobacterias radica en su transmisión oro fecal. *Escherichia coli* por ejemplo, posee cepas patógenas que producen toxina Shiga (STEC), tiene la capacidad de sobrevivir en ambientes extraintestinales y posee resistencia antimicrobiana que se puede transmitir por alimentos, agua contaminada o entornos pecuario-productivos (Gomes et al., 2024; Jang et al., 2017; Karmali, 2017). *Proteus* spp. se multiplica principalmente en la orina o en heridas, tiene la capacidad de contaminar el agua y transferir sus genes de resistencia de forma significativa (Drzewiecka, 2016; Facciola et al., 2022). *Enterobacter* spp. prolifera en situaciones de estrés, a causa de la inmunodepresión, posee una resistencia natural a los carbapenémicos y una acelerada capacidad adaptativa a los antimicrobianos (Mmatli et al., 2020; Salimiyani et al., 2020).

Por otro lado, la resistencia antimicrobiana es una problemática creciente, especialmente en el tratamiento de las bacterias gram-negativas, ya que estas han demostrado resistencia a antibióticos como los beta lactámicos y las quinolonas, por la producción de beta lactamasas de espectro extendido (Breijyeh et al., 2020; Gauba & Rahman, 2023a; Martínez-Martínez & Calvo, 2010). La Organización Mundial de la Salud considera como las bacterias farmacorresistentes de prioridad crítica a la familia de enterobacterias resistentes a las cefalosporinas de tercera generación y a las carbapenemasas, donde *Escherichia coli*, *Enterobacter* spp. y *Proteus* spp. están entre las veinte bacterias de prioridad crítica (Organización Mundial de la Salud, 2024).

Respecto a esta problemática, la Organización Mundial de la Salud ha establecido directrices que limitan el uso de los antibióticos clave en la medicina humana para ser usados en la producción veterinaria. Esta limitación prohíbe el uso de ciertos antibióticos a menos que el perfil de farmacorresistencia indique que ese tratamiento es la única opción (Aidara-Kane et al., 2018; Tang et al., 2017).

La importancia de evaluar la resistencia antimicrobiana (RAM) radica en las complicaciones que esta tiene para con la salud pública. La RAM aumenta la morbilidad y mortalidad de animales y de humanos, dificultando el tratamiento de infecciones y reduciendo la eficacia de los antibióticos que se encuentran en el mercado. Las zonas de ganadería intensiva son aquellas que se consideran zonas de riesgo por la elevada densidad de bacterias y el uso intensivo de antibióticos (Dhingra et al., 2020; Majumder et al., 2020; Velazquez-Meza et al., 2022).

La Organización Mundial de la Salud (OMS) ha categorizado los antibióticos según las recomendaciones de uso en el campo pecuario-productivo. La ampicilina+sulbactam, cefalexina, sulfametoxazol+trimetropima y tetraciclina son de uso libre y pueden ser considerados como primera opción por su bajo potencial de resistencia. La estreptomicina, levofloxacina, cefuroxima y fosfomicina oral se reservan exclusivamente para tratamiento en humanos por su potencial medio de resistencia. La fosfomicina inyectable es un antibiótico de último recurso, exclusivo de humanos y empleados en pacientes potencialmente mortales (Tang et al., 2017).

En el Ecuador, la Agencia de Control y Regulación Fito y Zoonosanitaria del Ecuador (AGROCALIDAD), en su resolución N° 110, manifiesta la Prohibición de antimicrobianos de importancia crítica en medicina humana como promotores del crecimiento, con el objetivo de acogerse a las recomendaciones establecidas por la OMS para combatir la Resistencia Antimicrobiana en el contexto nacional (Agencia de Control y Regulación Fito y Zoonosanitario, 2024).

En el presente estudio, dentro de las bacterias aisladas, *Escherichia coli* presentó resistencia a Penicilina (100 %), Cefalexina (96,15 %), Trimetoprima-Sulfametoxazol (73,08 %), Estreptomicina (65,38 %), y Tetraciclina (50 %). Estos porcentajes superan a los expuestos por Alam et al. (2023), Nji et al. (2021), Srinivasan et al. (2007) y D. Wu et al. (2021), quienes obtuvieron una resistencia del 60% a las cefalosporinas de segunda generación, un 63 % a la trimetoprima-sulfametoxazol, un 40,3 % resistentes a la estreptomicina y un 87 % a la tetraciclina en muestras animales en la mayoría de los casos. De los fármacos resistentes a *Escherichia coli* empleados en el estudio, AGROCALIDAD no permite el uso de la cefalexina, sulfametoxazol ni tetraciclina (Agencia de Control y Regulación Fito y Zoonosanitario, 2024). *Escherichia coli* tiene la capacidad de adquirir resistencia por medio de: la transferencia horizontal de genes, a la cual se le adjudican las resistencias a los betalactámicos, quinolonas o carbapenémicos (Nasrollahian et al., 2024; Poirel et al., 2018) y la resistencia críptica y adaptativa, que le otorga resistencia temporal a los antibióticos (Adam et al., 2008; Suarez & Martiny, 2024).

Proteus spp. presentó resistencia a Penicilina (100 %), Ampicilina/Sulbactam (100 %), Cefalexina (88,89 %), Tetraciclina (88,89 %) y Estreptomicina (55,56 %). Estos resultados difieren con los obtenidos por Al-Fatlawi et al. (2023), Liu et al. (2020) y Meyers et al. (1969), quienes registraron 63 % de resistencia a la cefalexina y el 100 % a estreptomicina, y menos del 85 % a la tetraciclina. Sin embargo, *Proteus spp.* tuvo la resistencia del 100 % que manifestaron los autores antes mencionados.

De los fármacos resistentes a *Proteus* spp., AGROCALIDAD limita el uso de la cefalexina, tetraciclina y ampicilina (Agencia de Control y Regulación Fito y Zoosanitario, 2024). *Proteus* spp. (especialmente *P. mirabilis*), tiene una resistencia natural a la colistina, es altamente resistente a los macrólidos como la eritromicina (Girlich et al., 2020b; Taubenek, 1962; Toptchieva et al., 2003), además de que posee una alta prevalencia de multirresistencia y genes de resistencia (especialmente en *Proteus mirabilis*) (Girlich et al., 2020b; Lin et al., 2019; I. T. Mohammed et al., 2024).

Enterobacter spp. tuvo el 100 % de resistencia a Penicilina, Cefalexina, Estreptomina, Sulfametoxazol + Trimetoprima y Tetraciclina, aun considerando que, en el país, no se permite el uso de la cefalexina, sulfametoxazol ni la tetraciclina desde el año 2023 (Agencia de Control y Regulación Fito y Zoosanitario, 2024). Estos resultados superan a los obtenidos por Harada et al. (2017), quienes mencionan que *Enterobacter* spp. presenta un 93,3 % de resistencia frente a las penicilinas, 43,3 % frente a las cefalosporinas, 23,3 % frente a los aminoglucósidos, 28,3 % de resistencia frente a la trimetoprima-sulfametoxazol y 40 % frente a las tetraciclinas.

Según la literatura, *Enterobacter* spp. tiene resistencia natural a la penicilina, oxacilina y múltiples cefalosporinas de primera, segunda y tercera generación, pero es naturalmente sensible o intermedio a tetraciclinas, ampicilina/sulbactam, quinolonas y ciertas cefalosporinas (Anju et al., 2020; Iredell et al., 2016; Stock, 2002; Stock & Wiedemann, 2002).

La producción porcina tiene múltiples focos de contaminación que pueden ocasionar un exceso de enterobacterias en la microbiota. El tipo de alimentación y el almacenamiento del balanceado son una fuente importante de *Escherichia coli* o *Salmonella* spp. por su ingesta directa y su capacidad de transmisión por medio de fómites (Burns et al., 2015; Tran et al., 2018). Por otro lado, un desangrado y eviscerado mal realizado en el faenamiento de los animales, ya sea por una técnica deficiente o un orden inadecuado, afectan significativamente los niveles de estos microorganismos, los cuales proliferan por la contaminación cruzada que ocurre entre las carcasas, el medio ambiente y la manipulación del faenador (Laukkanen et al., 2009; Rizzotto et al., 2022).

En esta investigación, también se analizó la asociación entre las variables de manejo de la granja como las instalaciones, la alimentación y sanidad con la presencia de enterobacterias. Estos factores fueron seleccionados en base a la transmisión oro fecal de las bacterias y a sus focos de contaminación más comunes. Aunque no se evidenció asociación estadística, la literatura indica que existen condiciones que predisponen a las personas y a los animales a sufrir una colonización patológica de agentes infecciosos bacterianos (Knetsch et al., 2014). Además, estudios como el realizado por Dohmen et al. (2015), mencionan que la presencia de bacterias ESBL en personas está directamente relacionada con las horas de trabajo de estas en granjas porcinas.

Las medidas de bioseguridad y la presencia de enterobacterias están íntimamente relacionadas. En relación con el manejo del alimento de las granjas de la provincia de Zamora Chinchipe, la mayoría de los porcicultores utiliza un alimento en formato pellet, el cual induce cambios en la microbiota intestinal de los porcinos. En muchas ocasiones, este alimento se encuentra ya suplementado de tal forma que facilita la fermentación y extrusión de ingredientes, aumentando la cantidad de bacterias beneficiosas en la microbiota intestinal (como *Lactobacillus*), al mismo tiempo que reduce los porcentajes de *Escherichia coli*, evitando el incremento de esta y sus complicaciones terapéuticas. La frecuencia de la limpieza del silo es clave para prevenir o favorecer el crecimiento de microorganismos patógenos (Duarte & Kim, 2022; T. Wang et al., 2023).

Otro factor que influye en la bioseguridad es la presencia de otros animales en la granja, tanto fauna urbana, fauna silvestre o plagas, quienes son determinantes de riesgo para la transmisión de patógenos, porque pueden llevar consigo microorganismos en las patas, expulsarlos con los fómites, o esparcirlos con las heces u orina. Los sistemas extensivos son propensos a sufrir esta problemática por su bajo nivel de bioseguridad y su sistema de cría con escasas barreras físicas (Makovska et al., 2023; Sanchez et al., 2018).

Por otro lado, aunque las delimitaciones entre el área sucia y área limpia son clave para evitar la sobrepoblación de microorganismos en el entorno, no se evidencia ninguna relación estadísticamente significativa entre manejo y la cantidad de enterobacterias

aisladas, debido a que las enterobacterias identificadas son parte de la composición natural de la microbiota. Sin embargo, este punto es clave ya que los porcinos son reservorios de enterobacterias naturalmente patógenas (Dias Costa et al., 2023).

Los porcinos son excretores naturales de bacterias gram-negativas. Esto representa un riesgo para la salud pública por el potencial de contaminación cruzada que representan no solo para con su propia canal, si no para los humanos responsables de su cuidado. Un estudio realizado en mataderos encontró que el 27,3 % de los cerdos excretaban este tipo de microorganismos. Para mitigar esta excreción natural, la vacunación y la adición de ácido fórmico estratificado en el agua de bebida antes del sacrificio reduce significativamente la proporción de cerdos que excreta enterobacterias gram-negativas (Bernad-Roche et al., 2022; Cevallos-Almeida et al., 2019).

En el análisis del dendrograma, el clúster 1 se asocia a granjas más controladas, con menor carga bacteriana y enfermedades respiratorias propias del sistema industrial. El clúster 2 tiene una mayor incidencia de problemas reproductivos, posiblemente asociados a la alimentación y las prácticas de manejo asociadas al sistema de crianza tradicional. El clúster 3 enfrenta problemas de mortalidad y enfermedades cutáneas, evidenciando la necesidad de mejorar el control sanitario y la alimentación. El clúster 4 se caracteriza por el uso intensivo de medicamentos, denotando una deficiente higiene y el inadecuado ambiente de crianza.

Las labores de manejo inadecuadas tienen un impacto significativo en la microbiota de los porcinos. Factores como los cambios en la dieta, el uso de fármacos por vía oral incrementan la presencia de bacterias patógenas en el intestino y en las heces, mientras que reduce el número de bacterias beneficiosas, resultando en una disbiosis y por ende, una disminución de los parámetros productivos. El destete, el ayuno y los protocolos de manejo invasivos que resultan en una manipulación excesiva de los lechones, incrementan los porcentajes de enterobacterias, ocasionando cuadros gastrointestinales desfavorables (Clavell-Sansalvador et al., 2024; Kim et al., 2022; Nguyen et al., 2023).

8. Conclusiones

- Las enterobacterias aisladas corresponden a la composición natural de la microbiota, sin embargo, se identificaron porcentajes altos de tres géneros principales: *Escherichia coli*, *Proteus* spp. y *Enterobacter* spp., pertenecientes al filo Proteobacteria.
- Las cepas de *Escherichia coli* aisladas fueron susceptibles a ampicilina + sulbactam, *Proteus* spp. obtuvo susceptibilidad a sulfametoxazol + trimetropima, y *Enterobacter* spp. fue sensible a ampicilina+sulbactam, cefuroxima, fosfomicina, levofloxacina y enrofloxacina.
- No existen variables de manejo asociadas a la presencia de las enterobacterias aisladas. No obstante, la alimentación de los porcinos, el manejo y sanidad de las producciones, influyen directamente en la composición de la microbiota.

9. Recomendaciones

- Realizar la evaluación metagenómica de la microbiota intestinal porcina, para posteriormente caracterizar los genes de resistencia aisladas de heces de cerdos.
- Analizar todas las etapas productivas de la industria porcina en estudios longitudinales, donde se incluya el análisis del alimento, el agua y la microbiota intestinal post-mortem.
- Establecer las buenas prácticas de manejo en las granjas, para controlar la propagación de microorganismos patógenos o potencialmente infecciosos.
- Emplear los antibióticos con una prescripción médica y con supervisión de un profesional médico veterinario.

10. Bibliografía

- Adam, M., Murali, B., Glenn, N. O., & Potter, S. S. (2008). Epigenetic inheritance based evolution of antibiotic resistance in bacteria. *BMC Evolutionary Biology*, 8(1), 52. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-8-52>
- Agencia de Control y Regulación Fito y Zoosanitario. (2024). *Coordinación general de registro de insumos agropecuarios dirección de registro de insumos pecuarios*.
- Agga, G. E., Scott, H. M., Vinasco, J., Nagaraja, T. G., Amachawadi, R. G., Bai, J., Norby, B., Renter, D. G., Dritz, S. S., Nelssen, J. L., & Tokach, M. D. (2015). Effects of chlortetracycline and copper supplementation on the prevalence, distribution, and quantity of antimicrobial resistance genes in the fecal metagenome of weaned pigs. *Preventive Veterinary Medicine*, 119(3–4), 179–189. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2015.02.008>
- Aidara-Kane, A., Angulo, F. J., Conly, J. M., Minato, Y., Silbergeld, E. K., McEwen, S. A., Collignon, P. J., Balkhy, H., Collignon, P., Conly, J., Friedman, C., Hollis, A., Kariuki, S., Kwak, H.-S., McEwen, S., Moulin, G., Ngandjio, A., Rollin, B., Rossi, F., & Wallinga, D. (2018). World Health Organization (WHO) guidelines on use of medically important antimicrobials in food-producing animals. *Antimicrobial Resistance & Infection Control*, 7(1), 7. <https://doi.org/10.1186/s13756-017-0294-9>
- Alam, G. S., Hassan, M. M., Ahaduzzaman, Md., Nath, C., Dutta, P., Khanom, H., Khan, S. A., Pasha, M. R., Islam, A., Magalhaes, R. S., & Cobbold, R. (2023). Molecular Detection of Tetracycline-Resistant Genes in Multi-Drug-Resistant Escherichia coli Isolated from Broiler Meat in Bangladesh. *Antibiotics*, 12(2), 418. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12020418>
- AL-Fatlawi, M., Zwain, O., & Alquraishi, Z. (2023). Role of Integrons 1 and 2 in Proteus spp. and Evaluation of Some Antibiotic's Resistance Genes. *Egyptian Academic Journal of Biological Sciences. C, Physiology and Molecular Biology*, 15(2), 367–377. <https://doi.org/10.21608/eajbsc.2023.319284>
- Anju, V. T., Siddhardha, B., & Dyavaiah, M. (2020). Enterobacter Infections and Antimicrobial Drug Resistance. In *Model Organisms for Microbial Pathogenesis, Biofilm Formation and Antimicrobial Drug Discovery* (pp. 175–194). Springer Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-15-1695-5_11

- Arzanlou, M., Chai, W. C., & Venter, H. (2017). Intrinsic, adaptive and acquired antimicrobial resistance in Gram-negative bacteria. *Essays in Biochemistry*, *61*(1), 49–59. <https://doi.org/10.1042/EBC20160063>
- Asociación de Porcicultores del Ecuador (ASPE). (2017). *Estadísticas Porcinas de Interés*. Estadística.
- ASPE. (2017). *Importancia económica de la porcicultura. Valor bruto de la producción*. <https://aspe.org.ec/estadisticas/>
- Aubry-Damon, H., Grenet, K., Sall-Ndiaye, P., Che, D., Cordeiro, E., Bougnoux, M.-E., Rigaud, E., Le Strat, Y., Lemanissier, V., Armand-Lefèvre, L., Delzescaux, D., Desenclos, J.-C., Liénard, M., & Andreumont, A. (2004). Antimicrobial Resistance in Commensal Flora of Pig Farmers. *Emerging Infectious Diseases*, *10*(5), 873–879. <https://doi.org/10.3201/eid1005.030735>
- Barrenechea, V., Vargas-Reyes, M., Quiliano, M., & Milón, P. (2021). A Complementary Mechanism of Bacterial mRNA Translation Inhibition by Tetracyclines. *Frontiers in Microbiology*, *12*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.682682>
- Baryshnikova, N., Uspenskiy, Y., Suvorova, M., Lyudyno, V., & Suvorov, A. (2021). P690 Changes of intestinal microbiota in patients with inflammatory bowel diseases. *Journal of Crohn's and Colitis*, *15*(Supplement_1), S607–S607. <https://doi.org/10.1093/ecco-jcc/jjab076.810>
- Bednorz, C., Oelgeschläger, K., Kinnemann, B., Hartmann, S., Neumann, K., Pieper, R., Bethe, A., Semmler, T., Tedin, K., Schierack, P., Wieler, L. H., & Guenther, S. (2013). The broader context of antibiotic resistance: Zinc feed supplementation of piglets increases the proportion of multi-resistant *Escherichia coli* in vivo. *International Journal of Medical Microbiology*, *303*(6–7), 396–403. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2013.06.004>
- Bernad-Roche, M., Casanova-Higes, A., Marín-Alcalá, C. M., & Mainar-Jaime, R. C. (2022). Salmonella Shedding in Slaughter Pigs and the Use of Esterified Formic Acid in the Drinking Water as a Potential Abattoir-Based Mitigation Measure. *Animals*, *12*(13), 1620. <https://doi.org/10.3390/ani12131620>
- Brejyeh, Z., Jubeh, B., & Karaman, R. (2020). Resistance of Gram-Negative Bacteria to Current Antibacterial Agents and Approaches to Resolve It. *Molecules*, *25*(6), 1340. <https://doi.org/10.3390/molecules25061340>

- Burns, A. M., Lawlor, P. G., Gardiner, G. E., McCabe, E. M., Walsh, D., Mohammed, M., Grant, J., & Duffy, G. (2015). Salmonella occurrence and Enterobacteriaceae counts in pig feed ingredients and compound feed from feed mills in Ireland. *Preventive Veterinary Medicine*, *121*(3–4), 231–239. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2015.07.002>
- Burow, E., Simoneit, C., Tenhagen, B.-A., & Käsbohrer, A. (2014). Oral antimicrobials increase antimicrobial resistance in porcine *E. coli* – A systematic review. *Preventive Veterinary Medicine*, *113*(4), 364–375. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2013.12.007>
- Bush, K. (1988). Beta-lactamase inhibitors from laboratory to clinic. *Clinical Microbiology Reviews*, *1*(1), 109–123. <https://doi.org/10.1128/CMR.1.1.109>
- Carcione, D., Siracusa, C., Sulejmani, A., Leoni, V., & Intra, J. (2021). Old and New Beta-Lactamase Inhibitors: Molecular Structure, Mechanism of Action, and Clinical Use. *Antibiotics*, *10*(8), 995. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10080995>
- Carter, A. P., Clemons, W. M., Brodersen, D. E., Morgan-Warren, R. J., Wimberly, B. T., & Ramakrishnan, V. (2000). Functional insights from the structure of the 30S ribosomal subunit and its interactions with antibiotics. *Nature*, *407*(6802), 340–348. <https://doi.org/10.1038/35030019>
- Castellanos, E. G. (2012). *Diseño óptimo de una granja porcina*. https://www.produccion-animal.com.ar/produccion_porcina/00-instalaciones_porcinas/42-Diseno_optimo.pdf. Editorial Instalaciones Porcinas.
- Cevallos-Almeida, M., Martin, L., Houdayer, C., Rose, V., Guionnet, J.-M., Paboeuf, F., Denis, M., & Kerouanton, A. (2019). Experimental infection of pigs by Salmonella Derby, S. Typhimurium and monophasic variant of S. Typhimurium: Comparison of colonization and serology. *Veterinary Microbiology*, *231*, 147–153. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.03.003>
- Chang, W., Rajaram, V., Yallampalli, H., Dong, A., Huang, K., Valiveru, A., & Njoo, E. (2021). Novel biaryl imines and amines as potential competitive inhibitors of dihydropteroate synthase. *Journal of Emerging Investigators*. <https://doi.org/10.59720/20-211>
- Chen, C., Zhou, Y., Fu, H., Xiong, X., Fang, S., Jiang, H., Wu, J., Yang, H., Gao, J., & Huang, L. (2021). Expanded catalog of microbial genes and metagenome-assembled

- genomes from the pig gut microbiome. *Nature Communications*, 12(1), 1106. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-21295-0>
- Clavell-Sansalvador, A., Río-López, R., González-Rodríguez, O., García-Gil, L. J., Xifró, X., Zigorowski, G., Ochoteco-Asensio, J., Ballester, M., Dalmau, A., & Ramayo-Caldas, Y. (2024). Effect of Group Mixing and Available Space on Performance, Feeding Behavior, and Fecal Microbiota Composition during the Growth Period of Pigs. *Animals*, 14(18), 2704. <https://doi.org/10.3390/ani14182704>
- Dadgostar, P. (2019). Antimicrobial Resistance: Implications and Costs. *Infection and Drug Resistance*, Volume 12, 3903–3910. <https://doi.org/10.2147/IDR.S234610>
- Dhingra, S., Rahman, N. A. A., Peile, E., Rahman, M., Sartelli, M., Hassali, M. A., Islam, T., Islam, S., & Haque, M. (2020). Microbial Resistance Movements: An Overview of Global Public Health Threats Posed by Antimicrobial Resistance, and How Best to Counter. *Frontiers in Public Health*, 8. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2020.535668>
- Dias Costa, R., Silva, V., Leite, A., Saraiva, M., Lopes, T. T., Themudo, P., Campos, J., & Vieira-Pinto, M. (2023). Salmonella spp., Escherichia coli and Enterobacteriaceae Control at a Pig Abattoir: Are We Missing Lairage Time Effect, Pig Skin, and Internal Carcass Surface Contamination? *Foods*, 12(15), 2910. <https://doi.org/10.3390/foods12152910>
- Dohmen, W., Bonten, M. J. M., Bos, M. E. H., van Marm, S., Scharringa, J., Wagenaar, J. A., & Heederik, D. J. J. (2015). Carriage of extended-spectrum β -lactamases in pig farmers is associated with occurrence in pigs. *Clinical Microbiology and Infection*, 21(10), 917–923. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2015.05.032>
- Dowd, S. E., Sun, Y., Wolcott, R. D., Domingo, A., & Carroll, J. A. (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>
- Drucker, G., Semerena, E., González, G., & Rueda, M. (2003). *La Industria Porcina en Yucatán: Un Análisis de la Generación de Aguas Residuales*. Problemas del Desarrollo. Revista Latinoamericana de Economía. 34, 105–124. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=11877191007>

- Drzewiecka, D. (2016). Significance and Roles of *Proteus* spp. Bacteria in Natural Environments. *Microbial Ecology*, 72(4), 741–758. <https://doi.org/10.1007/s00248-015-0720-6>
- Duarte, M. E., & Kim, S. W. (2022). Intestinal microbiota and its interaction to intestinal health in nursery pigs. *Animal Nutrition*, 8, 169–184. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2021.05.001>
- Echeverria, L., & Vidales, G. (2008). Evaluación del efecto de la introducción de la raza argentina Che Tapuy como padrillo terminal, en los porcentajes de tejido magro y grasa dorsal de su descendencia. *Universidad Nacional de Luján*.
- Eugène, K. K., Man-Koumba, S., Marcel, B. O., Jihen, M., Borel, N., Nowakowski, M., André, T. O., Joseph, D. A., Elieser, N. K., & Jambou, R. (2021). *Cross-sectional study on Traditional pig rearing practices and cysticercosis in the southern region of Côte d'Ivoire*. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-61748/v2>
- Facciola, A., Gioffrè, M., Chiera, D., & Ferlazzo, M. (2022). Evaluation of antibiotic resistance in *Proteus* spp: a growing trend that worries Public Health. Results of 10 Years of Analysis. *New Microbiol*, 269–277. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36190369/>
- Feng, Y., Chang, S. K., & Portnoy, D. A. (2023). The major role of *Listeria monocytogenes* folic acid metabolism during infection is the generation of N-formylmethionine. *MBio*, 14(5). <https://doi.org/10.1128/mbio.01074-23>
- Fouhse, J. M., Zijlstra, R. T., & Willing, B. P. (2016). The role of gut microbiota in the health and disease of pigs. *Animal Frontiers*, 6(3), 30–36. <https://doi.org/10.2527/af.2016-0031>
- Gaskin, M., Rutherford, S., Khan, S., Main, D., & Yamamura, D. (2022). Microbiology Laboratory Role in an Outbreak with a Multi-drug Resistant *Enterobacter cloacae* (MDRE) in a Neonatal Intensive Care Unit (NICU). *Conferencia Anual de Vancouver*.
- Gaston, M. A. (1988). *Enterobacter*: an emerging nosocomial pathogen. *Journal of Hospital Infection*, 11(3), 197–208. [https://doi.org/10.1016/0195-6701\(88\)90098-9](https://doi.org/10.1016/0195-6701(88)90098-9)
- Gaubá, A., & Rahman, K. M. (2023). Evaluation of Antibiotic Resistance Mechanisms in Gram-Negative Bacteria. *Antibiotics*, 12(11), 1590. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12111590>

- Girlich, D., Bonnin, R. A., Dortet, L., & Naas, T. (2020). Genetics of acquired antibiotic resistance genes in *Proteus* spp. *Frontiers in Microbiology*, *11*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00256>
- Giuffra, E., Kijas, J. M. H., Amarger, V., Carlborg, O. ., Jeon, J.-T., & Andersson, L. (2000). The Origin of the Domestic Pig: Independent Domestication and Subsequent Introgression. *Genetics*. *154* (4), 1785-1791
- Gomes, L., Bordalo, A. A., & Machado, A. (2024). Characterization of *Escherichia coli* Isolates in Recreational Waters: Implications for Public Health and One Health Approach. *Water*, *16*(18), 2695. <https://doi.org/10.3390/w16182695>
- Gresse, R., Chaucheyras-Durand, F., Fleury, M. A., Van de Wiele, T., Forano, E., & Blanquet-Diot, S. (2017). Gut Microbiota Dysbiosis in Postweaning Piglets: Understanding the Keys to Health. *Trends in Microbiology*, *25*(10), 851–873. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2017.05.004>
- Gu, W., Wang, W., Tong, P., Liu, C., Jia, J., Lu, C., Han, Y., Sun, X., Kuang, D., Li, N., & Dai, J. (2020). Comparative genomic analysis of *Proteus* spp. isolated from tree shrews indicated unexpectedly high genetic diversity. *PLOS ONE*, *15*(2), e0229125. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229125>
- Hamilton, A. L., Kamm, M. A., Ng, S. C., & Morrison, M. (2018). *Proteus* spp. as putative gastrointestinal pathogens. *Clinical Microbiology Reviews*, *31*(3). <https://doi.org/10.1128/CMR.00085-17>
- Harada, K., Shimizu, T., Mukai, Y., Kuwajima, K., Sato, T., Kajino, A., Usui, M., Tamura, Y., Kimura, Y., Miyamoto, T., Tsuyuki, Y., Ohki, A., & Kataoka, Y. (2017). Phenotypic and molecular characterization of antimicrobial resistance in *Enterobacter* spp. isolates from companion animals in Japan. *PLOS ONE*, *12*(3), e0174178. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0174178>
- Healy, B., Cooney, S., O'Brien, S., Iversen, C., Whyte, P., Nally, J., Callanan, J. J., & Fanning, S. (2010). *Cronobacter* (*Enterobacter sakazakii*): An Opportunistic Foodborne Pathogen. *Foodborne Pathogens and Disease*, *7*(4), 339–350. <https://doi.org/10.1089/fpd.2009.0379>
- Hendriksen, R. S., Mevius, D. J., Schroeter, A., Teale, C., Jouy, E., Butaye, P., Franco, A., Utinane, A., Amado, A., Moreno, M., Greko, C., Stärk, K. D., Berghold, C., Myllyniemi, A.-L., Hoszowski, A., Sunde, M., & Aarestrup, F. M. (2008).

- Occurrence of antimicrobial resistance among bacterial pathogens and indicator bacteria in pigs in different European countries from year 2002 – 2004: the ARBAO-II study. *Acta Veterinaria Scandinavica*, 50(1), 19. <https://doi.org/10.1186/1751-0147-50-19>
- Holmer, I., Salomonsen, C. M., Jorsal, S. E., Astrup, L. B., Jensen, V. F., Høg, B. B., & Pedersen, K. (2019). Antibiotic resistance in porcine pathogenic bacteria and relation to antibiotic usage. *BMC Veterinary Research*, 15(1), 449. <https://doi.org/10.1186/s12917-019-2162-8>
- Hu, Y., Anes, J., Devineau, S., & Fanning, S. (2021). Klebsiella pneumoniae: Prevalence, Reservoirs, Antimicrobial Resistance, Pathogenicity, and Infection: A Hitherto Unrecognized Zoonotic Bacterium. *Foodborne Pathogens and Disease*, 18(2), 63–84. <https://doi.org/10.1089/fpd.2020.2847>
- Huang, Y., Zhou, L., Zhang, J., Liu, X., Zhang, Y., Cai, L., Zhang, W., Cui, L., Yang, J., Ji, J., Xiao, S., Ai, H., Chen, C., Ma, J., Yang, B., & Huang, L. (2020). A large-scale comparison of meat quality and intramuscular fatty acid composition among three Chinese indigenous pig breeds. *Meat Science*, 168, 108182. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2020.108182>
- Impey, R. E., Hawkins, D. A., Sutton, J. M., & Soares da Costa, T. P. (2020). Overcoming Intrinsic and Acquired Resistance Mechanisms Associated with the Cell Wall of Gram-Negative Bacteria. *Antibiotics*, 9(9), 623. <https://doi.org/10.3390/antibiotics9090623>
- Iredell, J., Brown, J., & Tagg, K. (2016). Antibiotic resistance in Enterobacteriaceae: mechanisms and clinical implications. *BMJ*, h6420. <https://doi.org/10.1136/bmj.h6420>
- Isaacson, R., & Kim, H. B. (2012). The intestinal microbiome of the pig. *Animal Health Research Reviews*, 13(1), 100–109. <https://doi.org/10.1017/S1466252312000084>
- Jang, J., Hur, H.-G., Sadowsky, M. J., Byappanahalli, M. N., Yan, T., & Ishii, S. (2017). Environmental *Escherichia coli*: ecology and public health implications—a review. *Journal of Applied Microbiology*, 123(3), 570–581. <https://doi.org/10.1111/jam.13468>
- Karmali, M. A. (2017). Emerging Public Health Challenges of Shiga Toxin–Producing *Escherichia coli* Related to Changes in the Pathogen, the Population, and the

- Environment. *Clinical Infectious Diseases*, 64(3), 371–376.
<https://doi.org/10.1093/cid/ciw708>
- Kemp, R. (1984). Cephalosporin antibiotic agents. *Medical Journal of Australia*, 141(7), 437–442. <https://doi.org/10.5694/j.1326-5377.1984.tb132856.x>
- Kim, K., Song, M., Liu, Y., & Ji, P. (2022). Enterotoxigenic *Escherichia coli* infection of weaned pigs: Intestinal challenges and nutritional intervention to enhance disease resistance. *Frontiers in Immunology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2022.885253>
- Klaper, K., Hammerl, J. A., Rau, J., Pfeifer, Y., & Werner, G. (2021). Genome-Based Analysis of *Klebsiella* spp. Isolates from Animals and Food Products in Germany, 2013–2017. *Pathogens*, 10(5), 573. <https://doi.org/10.3390/pathogens10050573>
- Knetsch, C. W., Connor, T. R., Mutreja, A., van Dorp, S. M., Sanders, I. M., Browne, H. P., Harris, D., Lipman, L., Keessen, E. C., Corver, J., Kuijper, E. J., & Lawley, T. D. (2014). Whole genome sequencing reveals potential spread of *Clostridium difficile* between humans and farm animals in the Netherlands, 2002 to 2011. *Eurosurveillance*, 19(45). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2014.19.45.20954>
- Ko, J.-H., Kang, C.-I., Cornejo-Juárez, P., Yeh, K.-M., Wang, C.-H., Cho, S. Y., Gözel, M. G., Kim, S.-H., Hsueh, P.-R., Sekiya, N., Matsumura, Y., Lee, D.-G., Cho, S.-Y., Shiratori, S., Kim, Y.-J., Chung, D. R., & Peck, K. R. (2019). Fluoroquinolones versus trimethoprim-sulfamethoxazole for the treatment of *Stenotrophomonas maltophilia* infections: a systematic review and meta-analysis. *Clinical Microbiology and Infection*, 25(5), 546–554. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2018.11.008>
- Konstantinov, S. R., Awati, A. A., Williams, B. A., Miller, B. G., Jones, P., Stokes, C. R., Akkermans, A. D. L., Smidt, H., & De Vos, W. M. (2006). Post-natal development of the porcine microbiota composition and activities. *Environmental Microbiology*, 8(7), 1191–1199. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2006.01009.x>
- Laukkanen, R., Martínez, P. O., Siekkinen, K.-M., Ranta, J., Maijala, R., & Korkeala, H. (2009). Contamination of Carcasses with Human Pathogenic *Yersinia enterocolitica* 4/O:3 Originates from Pigs Infected on Farms. *Foodborne Pathogens and Disease*, 6(6), 681–688. <https://doi.org/10.1089/fpd.2009.0265>

- Leangapichart, T., Lunha, K., Jiwakanon, J., Angkititrakul, S., Järhult, J. D., Magnusson, U., & Sunde, M. (2021). Characterization of *Klebsiella pneumoniae* complex isolates from pigs and humans in farms in Thailand: population genomic structure, antibiotic resistance and virulence genes. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 76(8), 2012–2016. <https://doi.org/10.1093/jac/dkab118>
- Leslie, E. E. C., Geong, M., Abdurrahman, M., Ward, M. P., & Toribio, J.-A. L. M. L. (2015). A description of smallholder pig production systems in eastern Indonesia. *Preventive Veterinary Medicine*, 118(4), 319–327. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2014.12.006>
- Liang, X., Zhai, Z., Ren, F., Jie, Y., Kim, S.-K., Niu, K.-M., & Wu, X. (2023). Metagenomic characterization of the cecal microbiota community and functions in finishing pigs fed fermented *Boehmeria nivea*. *Frontiers in Veterinary Science*, 10. <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1253778>
- Lin, M.-F., Liou, M.-L., Kuo, C.-H., Lin, Y.-Y., Chen, J.-Y., & Kuo, H.-Y. (2019). Antimicrobial susceptibility and molecular epidemiology of *Proteus mirabilis* isolates from three hospitals in northern Taiwan. *Microbial Drug Resistance*, 25(9), 1338–1346. <https://doi.org/10.1089/mdr.2019.0066>
- Liu, D., Zhai, W., Song, H., Fu, Y., Schwarz, S., He, T., Bai, L., Wang, Y., Walsh, T. R., & Shen, J. (2020). Identification of the novel tigecycline resistance gene tet(X6) and its variants in *Myroides*, *Acinetobacter* and *Proteus* of food animal origin. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 75(6), 1428–1431. <https://doi.org/10.1093/jac/dkaa037>
- Lomovskaya, O., Rubio-Aparicio, D., Tsivkovski, R., Loutit, J., & Dudley, M. (2022). The Ultrabroad-Spectrum Beta-Lactamase Inhibitor QPX7728 Restores the Potency of Multiple Oral Beta-Lactam Antibiotics against Beta-Lactamase-Producing Strains of Resistant *Enterobacterales*. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 66(2). <https://doi.org/10.1128/aac.02168-21>
- Lopardo, H., Predari, S., & Vay, C. (2020). *Guía de identificación de enterobacterias - Bacterias de Importancia Clínica*.
- López Vergé, S., Gasa Gasó, J., Solà Oriol, D., & Universitat Autònoma de Barcelona. Departament de Ciència Animal i dels Aliments. (2019). *Estudio y gestión de la*

- variabilidad de peso vivo a lo largo del ciclo del porcino en condiciones comerciales*. <https://ddd.uab.cat/record/203212>
- Majumder, M. A. A., Rahman, S., Cohall, D., Bharatha, A., Singh, K., Haque, M., & Gittens-St Hilaire, M. (2020). Antimicrobial Stewardship: Fighting Antimicrobial Resistance and Protecting Global Public Health. *Infection and Drug Resistance, Volume 13*, 4713–4738. <https://doi.org/10.2147/IDR.S290835>
- Makovska, I., Dhaka, P., Chantziaras, I., Pessoa, J., & Dewulf, J. (2023). The Role of Wildlife and Pests in the Transmission of Pathogenic Agents to Domestic Pigs: A Systematic Review. *Animals, 13*(11), 1830. <https://doi.org/10.3390/ani13111830>
- Manos, J., & Belas, R. (2006). The Genera *Proteus*, *Providencia*, and *Morganella*. In *The Prokaryotes* (pp. 245–269). Springer New York. https://doi.org/10.1007/0-387-30746-X_12
- Mariat, D., Firmesse, O., Levenez, F., Guimarães, V. D., Sokol, H., Doré, J., Corthier, G., & Furet, J. P. (2009). The firmicutes/bacteroidetes ratio of the human microbiota changes with age. *BMC Microbiology, 9*. <https://doi.org/10.1186/1471-2180-9-123>
- Martínez-Martínez, L., & Calvo, J. (2010). El problema creciente de la resistencia antibiótica en bacilos gramnegativos: situación actual. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica, 28*, 25–31. [https://doi.org/10.1016/S0213-005X\(10\)70027-6](https://doi.org/10.1016/S0213-005X(10)70027-6)
- Merchant, I., & Parker, R. (1970). *Bacteriología y virología veterinaria*.
- Meyers, B. R., Kaplan, K., & Weinstein, L. (1969). Cephalexin: Microbiological effects and pharmacologic parameters in man. *Clinical Pharmacology & Therapeutics, 10*(6), 810–816. <https://doi.org/10.1002/cpt1969106810>
- Minga, D. (2024). *Estudio epidemiológico de Salmonella spp. en granjas porcinas del cantón Loja (tesis de pregrado)*. Universidad Nacional de Loja.
- Mmatli, M., Mbelle, N. M., Maningi, N. E., & Osei Sekyere, J. (2020). Emerging Transcriptional and Genomic Mechanisms Mediating Carbapenem and Polymyxin Resistance in *Enterobacteriaceae*: a Systematic Review of Current Reports. *MSystems, 5*(6). <https://doi.org/10.1128/mSystems.00783-20>
- Mohammed, H. H. H., Abuo-Rahma, G. E.-D. A. A., Abbas, S. H., & Abdelhafez, E.-S. M. N. (2019). Current Trends and Future Directions of Fluoroquinolones. *Current Medicinal Chemistry, 26*(17), 3132–3149. <https://doi.org/10.2174/0929867325666180214122944>

- Mohammed, I. T., Usman, A. D., Ibrahim, A. A., Umoru, A. M., Ibrahim, M. M., & Umar, J. B. (2024). A concurrent extended spectrum Beta-lactamase production and multidrug resistance among *Proteus* species isolated from Clinical samples of patients attending selected Hospitals in North Eastern Nigeria. *UMYU Journal of Microbiology Research (UJMR)*, 9(1), 15–25. <https://doi.org/10.47430/ujmr.2491.002>
- Molnár, Z., Szabados, K., Kiš, A., Marinkov, J., Demeter, L., Biró, M., Öllerer, K., Katona, K., Đapić, M., Perić, R., Ulicsni, V., & Babai, D. (2021). Preserving for the future the — once widespread but now vanishing — knowledge on traditional pig grazing in forests and marshes (Sava-Bosut floodplain, Serbia). *Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine*, 17(1), 56. <https://doi.org/10.1186/s13002-021-00482-9>
- Mora-Ochomogo, M., & Lohans, C. T. (2021). β -Lactam antibiotic targets and resistance mechanisms: from covalent inhibitors to substrates. *RSC Medicinal Chemistry*, 12(10), 1623–1639. <https://doi.org/10.1039/D1MD00200G>
- Mountzouris, K. C., Balaskas, C., Fava, F., Tuohy, K. M., Gibson, G. R., & Fegeros, K. (2006). Profiling of composition and metabolic activities of the colonic microflora of growing pigs fed diets supplemented with prebiotic oligosaccharides. *Anaerobe*, 12(4), 178–185. <https://doi.org/10.1016/j.anaerobe.2006.04.001>
- Müller, H. E. (1986). Occurrence and pathogenic role of *Morganella-Proteus-Providencia* group bacteria in human feces. *Journal of Clinical Microbiology*, 23(2), 404–405. <https://doi.org/10.1128/jcm.23.2.404-405.1986>
- Muñoz, I., Suárez, S., Larrea, A., & Poma, J. (2020). Diagnóstico de la producción, comercialización y consumo de productos porcinos en el cantón Sacha, Orellana. *Dialnet*. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=7398386>
- Murphy, C. P., Carson, C., Smith, B. A., Chapman, B., Marrotte, J., McCann, M., Primeau, C., Sharma, P., & Parmley, E. J. (2018). Factors potentially linked with the occurrence of antimicrobial resistance in selected bacteria from cattle, chickens and pigs: A scoping review of publications for use in modelling of antimicrobial resistance (IAM.AMR Project). *Zoonoses and Public Health*, 65(8), 957–971. <https://doi.org/10.1111/zph.12515>

- Nasrollahian, S., Graham, J. P., & Halaji, M. (2024). A review of the mechanisms that confer antibiotic resistance in pathotypes of *E. coli*. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, *14*. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2024.1387497>
- Nathwani, D., & Wood, M. J. (1993). Penicillins. *Drugs*, *45*(6), 866–894. <https://doi.org/10.2165/00003495-199345060-00002>
- Nguyen, T. Q., Martínez-Álvaro, M., Lima, J., Auffret, M. D., Rutherford, K. M. D., Simm, G., Dewhurst, R. J., Baima, E. T., & Roehe, R. (2023). Identification of intestinal and fecal microbial biomarkers using a porcine social stress model. *Frontiers in Microbiology*, *14*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1197371>
- Nji, E., Kazibwe, J., Hambridge, T., Joko, C. A., Larbi, A. A., Dampthey, L. A. O., Nkansa-Gyamfi, N. A., Stålsby Lundborg, C., & Lien, L. T. Q. (2021). High prevalence of antibiotic resistance in commensal *Escherichia coli* from healthy human sources in community settings. *Scientific Reports*, *11*(1), 3372. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-82693-4>
- Ong'uti, S., Czech, M., Robilotti, E., & Holubar, M. (2022). Cefiderocol: A New Cephalosporin Stratagem Against Multidrug-Resistant Gram-Negative Bacteria. *Clinical Infectious Diseases*, *74*(7), 1303–1312. <https://doi.org/10.1093/cid/ciab757>
- Organización Mundial de la Salud. (2024). *WHO Bacterial Priority Pathogens List, 2024*.
- Patil, Y., Gooneratne, R., & Ju, X.-H. (2020). Interactions between host and gut microbiota in domestic pigs: a review. *Gut Microbes*, *11*(3), 310–334. <https://doi.org/10.1080/19490976.2019.1690363>
- Picazo, J. J., Piédrola De Angulo, G., Elías, J., Sánchez, G., Centelles, G.-L., Carlos, F., López, R., & Gil, A. T. (1993). *Procedimientos en Microbiología Clínica Recomendaciones de la Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*.
- Pissetti, C., Kich, J. D., Allen, H. K., Navarrete, C., de Freitas Costa, E., Morés, N., & Cardoso, M. (2021). Antimicrobial resistance in commensal *Escherichia coli* and *Enterococcus* spp. isolated from pigs subjected to different antimicrobial administration protocols. *Research in Veterinary Science*, *137*, 174–185. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2021.05.001>
- Pituco, E., García, J., Del Fava, C., Pestana, C., Miyashiro, S., Spagna, R., Hellmeister, A., Guilherme, A., Luís, R., Iba, A., Cardoso, A., Castiglioni, E., Weinsten, É.,

- MMessage, D., Augusto, J., & Martini, M. (2017). *Manual veterinario de toma y envío de muestras* (OPS & OMS, Eds.; 1st ed.). <http://www.agricultura.gov.br/>
- Poirel, L., Madec, J.-Y., Lupo, A., Schink, A.-K., Kieffer, N., Nordmann, P., & Schwarz, S. (2018). Antimicrobial Resistance in *Escherichia coli*. *Microbiology Spectrum*, 6(4). <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.ARBA-0026-2017>
- Raje, K., Devi, Y. R., Mishra, A., Rawat, C., Munde, V. K., & Ojha, S. (2018). *Commercial Pig Farming: A Profitable Business*. 1–4. www.stmjournals.com
- Ramirez, M. (2022). *Evaluación del rendimiento reproductivo de una granja porcina tecnificada (tesis de grado)*. Universidad Nacional Agraria La Molina. <https://doi.org/oai:repositorio.lamolina.edu.pe:20.500.12996/5769>
- Relun, A., Charrier, F., Trabucco, B., Maestrini, O., Molia, S., Chavernac, D., Grosbois, V., Casabianca, F., Etter, E., & Jori, F. (2015). Multivariate analysis of traditional pig management practices and their potential impact on the spread of infectious diseases in Corsica. *Preventive Veterinary Medicine*, 121(3–4), 246–256. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2015.07.004>
- Rizzotto, D., Montes, J. H., Kich, J. D., Peripolli, V., Bianchi, I., Oliveira Júnior, J. M. de, Duval, E. H., Schwegler, E., & Moreira, F. (2022). Salmonella enterica and enterobacteria in pig carcasses processed on different slaughter days. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 57. <https://doi.org/10.1590/s1678-3921.pab2022.v57.02813>
- Rossi, A. (2021a). E.M.B. Agar (con Eosina y Azul de Metileno). *Laboratorios Britania*.
- Rossi, A. (2021b). Lisina Hierro Agar. *Laboratorios Britania*.
- Rossi, A. (2021c). Simmons Citrato Agar. *Laboratorios Britania S.A.*
- Rossi, A. (2021d). T.S.I. Agar (Triple Sugar Iron Agar). *Laboratorios Britania S.A.*
- Salazar, D., Cuichán, M., Ballesteros, C., Márquez, J., & Orbe, D. (2022). *Encuesta de superficie y producción agropecuaria continua - ESPAC*.
- Salazar, S., Conejo, L., Martínez, M., Gómez, C., & Dorado, S. (2020). Efectos de la suplementación de metionina, treonina y triptófano sobre el rendimiento productivo y la calidad de canal de los cerdos en crecimiento bajo condiciones comerciales de producción. *Libro Virtual de Formación En ORL*, 14(2), 101–112. <https://doi.org/10.15517/nat.v14i2.44257>

- Salimiyan, K., Ghazvini, K., & Farsiani, H. (2020). Clinical and pathogenesis overview of *Enterobacter* infections. *Reviews in Clinical Medicine*, 6, 146–154.
- Sanchez, J., Ezquiaga, M., & Ruiz, M. (2018). Fleas (Insecta: Siphonaptera) with public health relevance in domestic pigs (Artiodactyla: Suidae) from Argentina. *Zootaxa*, 4374(1). <https://doi.org/10.11646/zootaxa.4374.1.8>
- Sassone-Corsi, M., Nuccio, S.-P., Liu, H., Hernandez, D., Vu, C. T., Takahashi, A. A., Edwards, R. A., & Raffatellu, M. (2016). Microcins mediate competition among Enterobacteriaceae in the inflamed gut. *Nature*, 540(7632), 280–283. <https://doi.org/10.1038/nature20557>
- Shin, N.-R., Whon, T. W., & Bae, J.-W. (2015). Proteobacteria: microbial signature of dysbiosis in gut microbiota. *Trends in Biotechnology*, 33(9), 496–503. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2015.06.011>
- Solano, A. (2024). *Caracterización de enterobacterias presentes en heces de porcinos en granjas del cantón Loja (tesis de pregrado)*. Universidad Nacional de Loja.
- Srinivasan, V., Gillespie, B. E., Lewis, M. J., Nguyen, L. T., Headrick, S. I., Schukken, Y. H., & Oliver, S. P. (2007). Phenotypic and genotypic antimicrobial resistance patterns of *Escherichia coli* isolated from dairy cows with mastitis. *Veterinary Microbiology*, 124(3–4), 319–328. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2007.04.040>
- Stecher, B. (2015). The Roles of Inflammation, Nutrient Availability and the Commensal Microbiota in Enteric Pathogen Infection. *Microbiology Spectrum*, 3(3). <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.MBP-0008-2014>
- Stetsko, T. I. (2022). Bacterial intestinal infection of swine. *Scientific and Technical Bulletin Of State Scientific Research Control Institute of Veterinary Medical Products and Fodder Additives And Institute of Animal Biology*, 23(1), 161–183. <https://doi.org/10.36359/scivp.2022-23-1.23>
- Stock, I. (2002). Natural Antibiotic Susceptibility of *Enterobacter* spp., with Special Reference to *Enterobacter aerogenes* and *Enterobacter intermedius* Strains. *Journal of Chemotherapy*, 14(5), 444–460. <https://doi.org/10.1179/joc.2002.14.5.444>
- Stock, I., & Wiedemann, B. (2002). Natural antibiotic susceptibility of *Enterobacter amnigenus*, *Enterobacter cancerogenus*, *Enterobacter gergoviae* and *Enterobacter sakazakii* strains. *Clinical Microbiology and Infection*, 8(9), 564–578. <https://doi.org/10.1046/j.1469-0691.2002.00413.x>

- Suarez, S. A., & Martiny, A. C. (2024). Intraspecific variation in antibiotic resistance potential within *E. coli*. *Microbiology Spectrum*, *12*(6). <https://doi.org/10.1128/spectrum.03162-23>
- Tang, K. L., Caffrey, N. P., Nóbrega, D. B., Cork, S. C., Ronksley, P. E., Barkema, H. W., Polachek, A. J., Ganshorn, H., Sharma, N., Kellner, J. D., & Ghali, W. A. (2017). Restricting the use of antibiotics in food-producing animals and its associations with antibiotic resistance in food-producing animals and human beings: a systematic review and meta-analysis. *The Lancet Planetary Health*, *1*(8), e316–e327. [https://doi.org/10.1016/S2542-5196\(17\)30141-9](https://doi.org/10.1016/S2542-5196(17)30141-9)
- Taubenek, U. (1962). Susceptibility of *Proteus mirabilis* and its stable L-forms to erythromycin and other macrolides. *Nature*, *196*(4850), 195–196. <https://doi.org/10.1038/196195b0>
- Telhig, S., Ben Said, L., Zirah, S., Fliss, I., & Rebuffat, S. (2020). Bacteriocins to Thwart Bacterial Resistance in Gram Negative Bacteria. *Frontiers in Microbiology*, *11*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.586433>
- Toptchieva, A., Sisson, G., Bryden, L. J., Taylor, D. E., & Hoffman, P. S. (2003). An inducible tellurite-resistance operon in *Proteus mirabilis*. *Microbiology*, *149*(5), 1285–1295. <https://doi.org/10.1099/mic.0.25981-0>
- Torres-Novoa, D. M., & Hurtado-Nery. (2007). Analysis of animal production parameters of swine breeding phase in commercial farm in the Meta state. *Orinoquia*, *11*(2). <https://repositorio.unillanos.edu.co/entities/publication/642f1e43-1b83-4a71-8b6e-c11344b204fc>
- Tran, T. H. T., Everaert, N., & Bindelle, J. (2018). Review on the effects of potential prebiotics on controlling intestinal enteropathogens *Salmonella* and *Escherichia coli* in pig production. *Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition*, *102*(1), 17–32. <https://doi.org/10.1111/jpn.12666>
- Tubón, J., Barragán-Fonseca, G., Lalaleo, L., & Calero-Cáceres, W. (2022). Data on antibiograms and resistance genes of Enterobacterales isolated from ready-to-eat street food of Ambato, Ecuador. *F1000Research*, *11*, 669. <https://doi.org/10.12688/f1000research.117116.1>

- Valverde Lucio, A., Gonzalez-Martínez, A., Alcívar Cobeña, J. L., & Rodero Serrano, E. (2021). Characterization and Typology of Backyard Small Pig Farms in Jipijapa, Ecuador. *Animals*, *11*(6), 1728. <https://doi.org/10.3390/ani11061728>
- Van Boeckel, T. P., Pires, J., Silvester, R., Zhao, C., Song, J., Criscuolo, N. G., Gilbert, M., Bonhoeffer, S., & Laxminarayan, R. (2019). Global trends in antimicrobial resistance in animals in low- and middle-income countries. *Science*, *365*(6459). <https://doi.org/10.1126/science.aaw1944>
- Van Gompel, L., Luiken, R. E. C., Sarrazin, S., Munk, P., Knudsen, B. E., Hansen, R. B., Bossers, A., Aarestrup, F. M., Dewulf, J., Wagenaar, J. A., Mevius, D. J., Schmitt, H., Heederik, D. J. J., Dorado-García, A., Smit, L. A. M., Graveland, H., van Essen, A., Gonzalez-Zorn, B., Moyano, G., ... Stärk, K. D. C. (2019). The antimicrobial resistome in relation to antimicrobial use and biosecurity in pig farming, a metagenome-wide association study in nine European countries. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, *74*(4), 865–876. <https://doi.org/10.1093/jac/dky518>
- Varela, M. F., Stephen, J., Lekshmi, M., Ojha, M., Wenzel, N., Sanford, L. M., Hernandez, A. J., Parvathi, A., & Kumar, S. H. (2021). Bacterial Resistance to Antimicrobial Agents. *Antibiotics*, *10*(5), 593. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10050593>
- Velazquez-Meza, M. E., Galarde-López, M., Carrillo-Quiróz, B., & Alpuche-Aranda, C. M. (2022). Antimicrobial resistance: One Health approach. *Veterinary World*, *743*–*749*. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2022.743-749>
- Verteletski, T., Stybel, V., Mazur, I., & Kolpak, A. (2024). Prevention of intestinal infections of bacterial etiology in pigs. *Scientific and Technical Bulletin Of State Scientific Research Control Institute of Veterinary Medical Products and Fodder Additives And Institute of Animal Biology*, *25*(1), 30–36. <https://doi.org/10.36359/scivp.2024-25-1.04>
- Vinueza-Burgos, C., Ortega-Paredes, D., Narváez, C., De Zutter, L., & Zurita, J. (2019). Characterization of cefotaxime resistant *Escherichia coli* isolated from broiler farms in Ecuador. *PLOS ONE*, *14*(4), e0207567. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0207567>
- Wang, L., Wu, Y., Xu, J., Huang, Q., Zhao, Y., Dong, S., Wang, X., Cao, X., Wang, C., Wu, A., Zhou, D., Chen, C., Yang, H., Li, J., Konstantinos, P., Tu, Q., Zhang, G., &

- Yin, J. (2022). Colicins of *Escherichia coli* Lead to Resistance against the Diarrhea-Causing Pathogen Enterotoxigenic *E. coli* in Pigs. *Microbiology Spectrum*, *10*(5). <https://doi.org/10.1128/spectrum.01396-22>
- Wang, T., Li, S., Ning, J., Li, J., Han, Y., Yin, X., Huang, X., & Huang, F. (2023). Effects of different processing techniques of palm kernel cake on processing quality of pellet feed, nutrient digestibility, and intestinal microbiota of pigs. *Journal of Animal Science*, *101*. <https://doi.org/10.1093/jas/skad217>
- Williams, J. D. (1987). Classification of Cephalosporins. *Drugs*, *34*(Supplement 2), 15–22. <https://doi.org/10.2165/00003495-198700342-00004>
- World Health Organization. (2024). *WHO bacterial priority pathogens list, 2024: Bacterial pathogens of public health importance to guide research, development and strategies to prevent and control antimicrobial resistance*.
- Wu, D., Ding, Y., Yao, K., Gao, W., & Wang, Y. (2021). Antimicrobial Resistance Analysis of Clinical *Escherichia coli* Isolates in Neonatal Ward. *Frontiers in Pediatrics*, *9*. <https://doi.org/10.3389/fped.2021.670470>
- Wu, W., Wei, L., Feng, Y., Kang, M., & Zong, Z. (2019). *Enterobacter huaxiensis* sp. nov. and *Enterobacter chuandaensis* sp. nov., recovered from human blood. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, *69*(3), 708–714. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003207>
- Xiao, L., Estellé, J., Kiilerich, P., Ramayo-Caldas, Y., Xia, Z., Feng, Q., Liang, S., Pedersen, A. Ø., Kjeldsen, N. J., Liu, C., Maguin, E., Doré, J., Pons, N., Le Chatelier, E., Prifti, E., Li, J., Jia, H., Liu, X., Xu, X., ... Wang, J. (2016). A reference gene catalogue of the pig gut microbiome. *Nature Microbiology*, *1*(12), 16161. <https://doi.org/10.1038/nmicrobiol.2016.161>
- Yang, H., Huang, X., Fang, S., Xin, W., Huang, L., & Chen, C. (2016). Uncovering the composition of microbial community structure and metagenomics among three gut locations in pigs with distinct fatness. *Scientific Reports*, *6*(1), 27427. <https://doi.org/10.1038/srep27427>
- Zhang, L., Wu, W., Lee, Y.-K., Xie, J., & Zhang, H. (2018). Spatial Heterogeneity and Co-occurrence of Mucosal and Luminal Microbiome across Swine Intestinal Tract. *Frontiers in Microbiology*, *9*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00048>

- Zhao, W., Wang, Y., Liu, S., Huang, J., Zhai, Z., He, C., Ding, J., Wang, J., Wang, H., Fan, W., Zhao, J., & Meng, H. (2015). The Dynamic Distribution of Porcine Microbiota across Different Ages and Gastrointestinal Tract Segments. *PLOS ONE*, *10*(2), e0117441. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0117441>
- Zhao, Y., Liu, L., Wang, S., Tian, M., Qi, J., Li, T., & Yu, S. (2021). Draft genome sequence analysis of a novel MLST (ST5028) and multidrug-resistant *Klebsiella quasipneumoniae* subsp. *similipneumoniae* (Kp4) strain 456S1 isolated from a pig farm in China. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, *24*, 275–277. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2021.01.006>
- Zimmermann, P., & Curtis, N. (2019). The effect of antibiotics on the composition of the intestinal microbiota - a systematic review. *Journal of Infection*, *79*(6), 471–489. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2019.10.008>
- Zimmermann, P., Messina, N., Mohn, W. W., Finlay, B. B., & Curtis, N. (2019). Association between the intestinal microbiota and allergic sensitization, eczema, and asthma: A systematic review. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, *143*(2), 467–485. <https://doi.org/10.1016/j.jaci.2018.09.025>

11. Anexos

Anexo 1. Encuesta

~. Características de la granja

N.- granja: Fecha encuesta: Encuestador:

Propietario del predio:

Nombre del encuestado: Cargo:

Edad del encuestado:

Nivel educativo:

Selecciona una opción.

- Primaria
- Secundaria
- Universidad

Provincia: Cantón: Ubicación:

Región:

Selecciona una opción.

- Sur
- Norte
- Central

Época del año:

Selecciona una opción.

- Invierno
- Verano

Coordenadas geográficas: X: Y:

Sistema de crianza:

Extensión de la granja (ha):

Tipo de piso rugoso:

Selecciona una opción.

- Presencia
- Ausencia

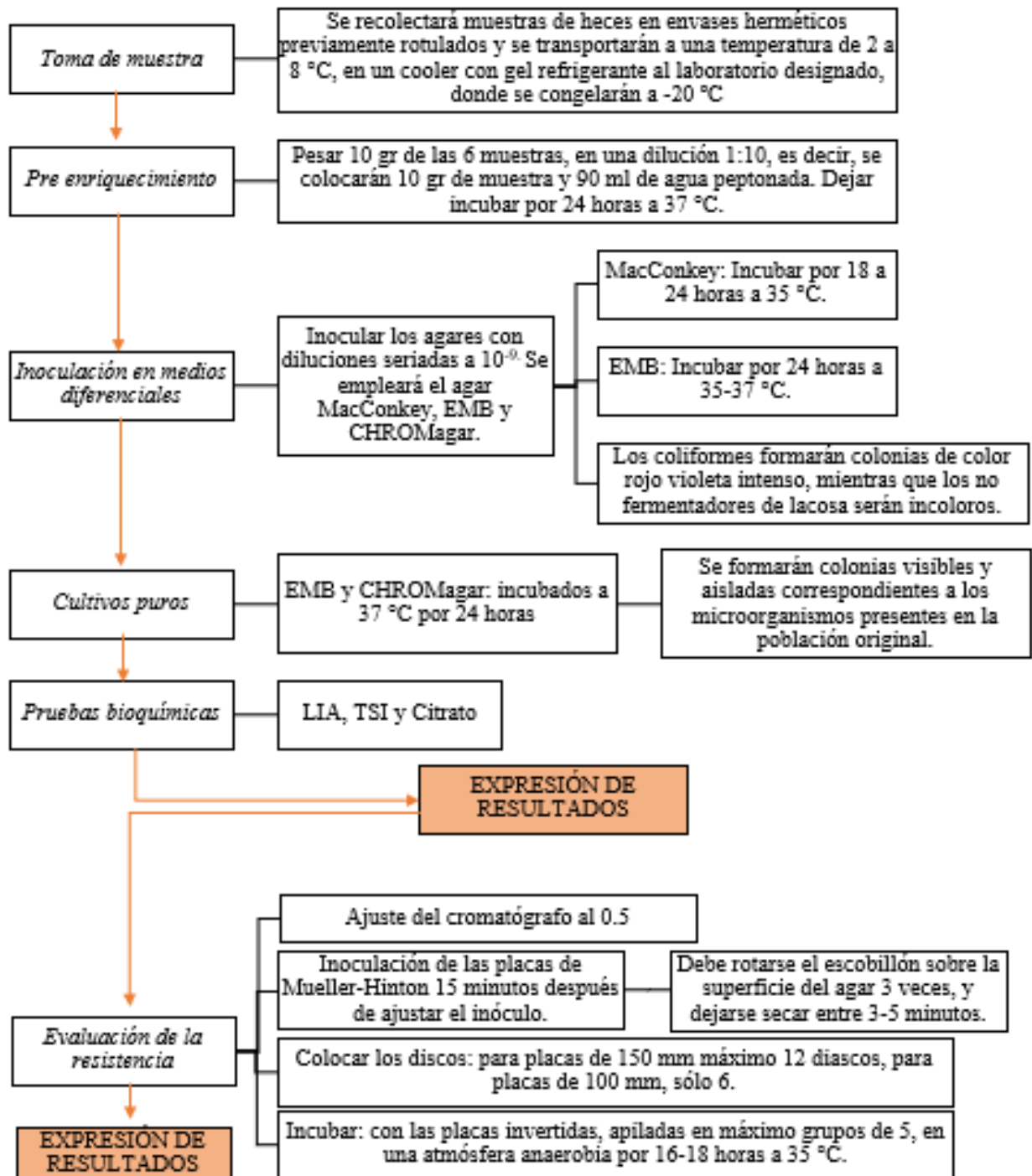
Tipo de terreno:

Selecciona una opción.

- Irregular
- Plano

Ubicación del matadero más cercano:

Anexo 2. Diagrama de flujo sobre el procedimiento para la detección de bacterias gramnegativas.

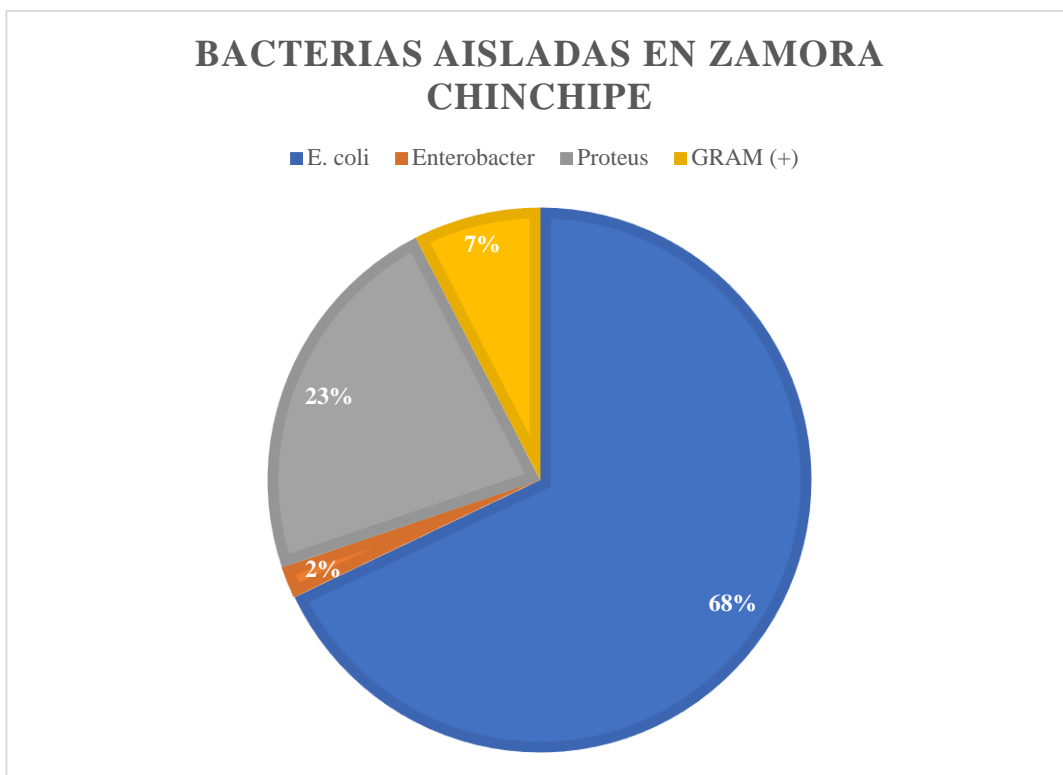


Nota: Información obtenida de (Lopardo et al., 2020; Rossi, 2021b, 2021d, 2021c).

Anexo 3. Caracterización e identificación de bacterias Gram negativas en granjas de la provincia de Zamora Chinchipe.

Presencia de enterobacterias y categorización en granjas de Zamora Chinchipe			
Código	E. coli	Proteus	Enterobacter
Yt1 - E	1	0	0
Yt1 - V	1	0	0
Yt1 - M	1	0	0
Yt2	0	0	0
Yt3	0	0	1
Yt4	0	1	0
Yt5	1	0	0
Yt6	1	0	0
Yt7	0	0	0
CC1-E	1	0	0
CC1-M	1	0	0
CC1-V	1	0	0
CC2	1	0	0
YC1-E	1	0	0
YC1-M	1	0	0
YC1-V	0	0	0
YC2	1	0	0
PQ1-E	1	0	0
PQ1-M	1	0	0
PQ1-V	1	0	0
PQ2	0	0	0
Z1	1	0	0
Z2	1	0	0
Z3	1	0	0
Z4	1	0	0
Z5	1	0	0
Z6-E	0	1	0
Z6-M	1	0	0
Z6-V	1	0	0
Z7	1	0	0
Z8	0	0	0
Z9	1	1	0
Pg1E	0	1	0
Pg1M	0	0	0
Pg1V	1	0	0
Pg2	1	0	0
Pg3	1	0	0
Pg4	0	1	0
Pg5	0	1	0
N1E	0	1	0
N1M	1	0	0
N1V	1	0	0
N2	1	0	0
Ch1E	0	1	0
Ch1M	0	1	0
Ch1V	1	0	0
Ch2	1	0	0
Ch3	0	1	0
Pl1E	1	0	0
Pl1M	1	0	0
Pl1V	0	1	0
Pl2	1	0	0
Pl3	1	0	0
TOTAL (#)	36	12	1
TOTAL (%)	73,5	24,5	2,0

Anexo 4. Bacterias aisladas en pools de las 35 granjas de la provincia de Zamora Chinchipe.



Anexo 5. Enterobacterias identificadas en los pools de las granjas porcinas.

<i>Microorganismo</i>	N	%
<i>Escherichia coli</i>		
Negativo	17	32,08
Positivo	36	67,92
<i>Total</i>	53	100,00
<i>Proteus spp.</i>		
Negativo	41	77,36
Positivo	12	22,64
<i>Total</i>	53	100,00
<i>Enterobacter spp.</i>		
Negativo	52	97,14
Positivo	1	2,86
<i>Total</i>	53	100,00

Anexo 6. Resistencia antimicrobiana de las enterobacterias aisladas.

Resultados de la resistencia de Gram - en granjas industriales							Resultados de la resistencia de Gram - en granjas tradicionales											
Código	Categoría	E. coli			Proteus spp.			Código	E. coli			Proteus spp.			Enterobacter spp.			
		Sensible	Intermedio	Resistente	Sensible	Intermedio	Resistente		Sensible	Intermedio	Resistente	Sensible	Intermedio	Resistente	Sensible	Intermedio	Resistente	
Y11	Engorde	Estreptomina 10mg		Cefalexina 30mg Penicilina 100U Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg				Y13							Fenformicina 200 mg Amp+Subac 20mg Levofloxacina 5 mg Enrofloxacina 5mg			Cefalexina 30mg Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg Cefuroxima 30 mg
	Madre	Estreptomina 10mg		Cefalexina 30mg Penicilina 100U Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg				Y14				Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg			Cefalexina 30mg Penicilina 100U Tetraciclina 30 mg			
	Verraco			Cefalexina 30mg Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg				Y15	Amp+Subac 20mg Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg		Penicilina 100U							
CC1	Engorde		Tetraciclina 30 mg	Cefalexina 30mg Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg				Y16	Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg		Cefalexina 30mg Penicilina 100U Tetraciclina 30 mg							
	Madre		Tetraciclina 30 mg	Cefalexina 30mg Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg				CC2		Amp+Subac 20mg Tetraciclina 30mg	Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg							
	Verraco		Tetraciclina 30 mg	Cefalexina 30mg Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg				Yc2	Amp+Subac 20mg Tetraciclina 30 mg	Estreptomina 10mg	Penicilina 100U Sulfamet 25 mg							
Yc1	Engorde	Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg	Cefalexina 30mg	Penicilina 100U Tetraciclina 30 mg				Z1		Amp+Subac 20mg Tetraciclina 30 mg	Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg							
	Madre	Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg	Cefalexina 30mg	Penicilina 100U Tetraciclina 30 mg				Z2	Amp+Subac 20mg Sulfamet 25 mg		Penicilina 100U Estreptomina 10mg Tetraciclina 30 mg							
Pg1	Engorde	Amp+Subac 20mg	Tetraciclina 30 mg	Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg				Z3	Amp+Subac 20mg		Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg							
	Madre	Amp+Subac 20mg Tetraciclina 30 mg		Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg				Z4	Amp+Subac 20mg	Tetraciclina 30 mg	Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg							
	Verraco	Amp+Subac 20mg	Tetraciclina 30 mg	Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg				Z5		Amp+Subac 20mg	Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg							
Z6	Engorde							Z7	Amp+Subac 20mg		Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg							
	Madre		Amp+Subac 20mg	Penicilina 100U Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg				Z9	Sulfamet 25 mg		Cefalexina 30mg Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg				Cefalexina 30mg Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg			
	Verraco	Amp+Subac 20mg	Estreptomina 10mg Tetraciclina 30 mg	Penicilina 100U Sulfamet 25 mg				Pg2	Cefalexina 30mg Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg		Penicilina 100U							
Pg1	Engorde							Pg3			Cefalexina 30mg Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg							
	Madre							Pg4			Cefalexina 30mg Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg		Cefalexina 30mg Estreptomina 10mg		Penicilina 100U Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg			
	Verraco	Amp+Subac 20mg	Tetraciclina 30 mg	Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg				Pg5					Sulfamet 25 mg		Cefalexina 30mg Penicilina 100U Estreptomina 10mg Tetraciclina 30 mg			
N1	Engorde							N2	Amp+Subac 20mg	Estreptomina 10mg Tetraciclina 30 mg	Penicilina 100U Sulfamet 25 mg							
	Madre	Amp+Subac 20mg	Estreptomina 10mg	Penicilina 100U Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg				Ch2	Amp+Subac 20mg Sulfamet 25 mg	Tetraciclina 30 mg	Penicilina 100U Estreptomina 10mg							
	Verraco	Amp+Subac 20mg Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg		Penicilina 100U Tetraciclina 30 mg				Ch3					Sulfamet 25 mg		Cefalexina 30mg Penicilina 100U Estreptomina 10mg Tetraciclina 30 mg			
Ch1	Engorde				Estreptomina 10mg Tetraciclina 30 mg		Cefalexina 30mg Penicilina 100U Sulfamet 25 mg	PI2	Amp+Subac 20mg	Estreptomina 10mg	Penicilina 100U Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg							
	Madre				Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg	Estreptomina 10mg	Cefalexina 30mg Penicilina 100U	PI3	Amp+Subac 20mg	Tetraciclina 30 mg	Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg							
	Verraco	Amp+Subac 20mg		Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg Tetraciclina 30 mg														
PI1	Engorde	Amp+Subac 20mg Estreptomina 10mg Tetraciclina 30mg		Penicilina 100U Sulfamet 25 mg														
	Madre	Amp+Subac 20mg	Tetraciclina 30 mg	Penicilina 100U Estreptomina 10mg Sulfamet 25 mg														
	Verraco				Sulfamet 25 mg	Estreptomina 10mg	Cefalexina 30mg Penicilina 100U Tetraciclina 30 mg											

Anexo 7. Factores asociados a la presencia de *Proteus spp.* en las granjas porcinas.

Categoría	Ausencia N (%)	Presencia N (%)	P valor
Tipo de Alimento			0,262
▪ Harina fina molida	12 (85,7)	2 (14,3)	
▪ Pellets	14 (66,7)	7 (33,3)	
Limpieza del silo			1,000
▪ Menos de 4 veces al año	8 (80,0)	2 (20,0)	
▪ Más de 4 veces al año	18 (72,0)	7 (28,0)	
Presencia de otros animales en la granja			0,694
▪ No	7 (70,0)	3 (30,0)	
▪ Si	19 (76,0)	6 (24,0)	
Eliminación del purín a través de la zona sucia			0,304
▪ No	20 (69,0)	9 (31,0)	
▪ Si	6 (100)	0 (0)	
Período sin visitas a otras granjas o instalaciones relacionadas con porcino (más de 12 horas) para todos los visitantes			0,553
▪ No	23 (71,9)	9 (28,1)	
▪ Si	3 (100)	0 (0)	
El estiércol de otras explotaciones se esparce en prados en un radio de 500 m alrededor de la granja			1,000
▪ No	18 (75,0)	6 (25,0)	
▪ Si	7 (70,0)	3 (30,0)	
El ganadero siempre utiliza y sigue un plan de vacunación predefinido y un protocolo de manejo			1,000
▪ No	4 (80,0)	1 (20,0)	
▪ Si	22 (73,3)	8 (26,7)	
Se manipulan/visitan los cerdos enfermos después de los sanos			0,396
▪ No	5 (62,5)	3 (37,5)	
▪ Si	21 (77,8)	6 (22,2)	
Las cerdas se lavan antes de ser trasladadas a la sala de partos			0,553
▪ Nunca	3 (100,0)	0 (0,0)	
▪ Siempre	23 (71,9)	9 (28,1)	
Los lechones se manipulan veces (por ejemplo, vacunación, castración, corte de colmillos) entre el nacimiento y el destete			0,231
▪ 1	8 (80,0)	2 (20,0)	
▪ 2	3 (42,9)	4 (57,1)	
▪ 3	12 (80,0)	3 (20,0)	
▪ 4	3 (100,0)	0 (0,0)	

Se lavan y/o desinfectan las manos entre las diferentes naves o fases productivas			0,605
▪ Algunas veces	5 (71,4)	2 (28,6)	
▪ Nunca	10 (66,7)	5 (33,3)	
▪ Siempre	11 (84,6)	2 (15,4)	
Se limpian y desinfectan las naves/salas después de cada ciclo de producción	2 (66,7)	1 (33,3)	1,000
▪ No	24 (75,0)	8 (25,0)	
▪ Si			
Hay pediluvios y/o lavabotas en la entrada de la granja y se utilizan	21 (70,0)	9 (30,0)	0,297
▪ No hay	5 (100,0)	0 (0,0)	
▪ Si hay			

Anexo 8. Factores asociados a la presencia de *Enterobacter spp.* en las granjas porcinas.

Categoría	Ausencia N (%)	Presencia N (%)	P valor
Tipo de Alimento			1,000
▪ Harina fina molida	14 (100)	0 (0,0)	
▪ Pellets	20 (95,2)	1 (4,8)	
Limpieza del silo			1,000
▪ Menos de 4 veces al año	10 (100)	0 (0,0)	
▪ Más de 4 veces al año	24 (96,0)	1 (4,0)	
Presencia de otros animales en la granja			1,000
▪ No	10 (100)	0 (0,0)	
▪ Si	24 (96,0)	1 (4,0)	
Eliminación del purín a través de la zona sucia			1,000
▪ No	28 (96,6)	1 (3,4)	
▪ Si	6 (100)	0 (0)	
Período sin visitas a otras granjas o instalaciones relacionadas con porcino (más de 12 horas) para todos los visitantes			1,000
▪ No	31 (96,9)	1 (3,1)	
▪ Si	3 (100)	0 (0)	
El estiércol de otras explotaciones se esparce en prados en un radio de 500 m alrededor de la granja			1,000
▪ No	23 (95,8)	1 (4,2)	
▪ Si	10 (100)	0 (0)	
El ganadero siempre utiliza y sigue un plan de vacunación predefinido y un protocolo de manejo (aditivos, pre o probióticos,etc.)			1,000
▪ No	5 (100)	0 (0)	
▪ Si	29 (96,7)	1 (3,3)	
Se manipulan/visitan los cerdos enfermos después de los sanos			1,000
▪ No	8 (100)	0 (0)	
▪ Si	26 (96,3)	1 (3,7)	
Las cerdas se lavan antes de ser trasladadas a la sala de partos			1,000
▪ Nunca	3 (100,0)	0 (0,0)	
▪ Siempre	31 (96,9)	1 (3,1)	
Los lechones se manipulan veces (por ejemplo, vacunación, castración, corte de colmillos) entre el nacimiento y el destete			0,086
▪ 1	10 (100)	0 (0)	
▪ 2	7 (100)	0 (0)	
▪ 3	15 (100)	0 (0)	
▪ 4	2 (66,7)	1 (33,3)	

Se lavan y/o desinfectan las manos entre las diferentes naves o fases productivas			0,200
▪ Algunas veces	6 (85,7)	1 (14,3)	
▪ Nunca	15 (100)	0 (0)	
▪ Siempre	13 (100)	0 (0)	
Se limpian y desinfectan las naves/salas después de cada ciclo de producción	3 (100)	0 (0)	1,000
▪ No	31 (96,9)	1 (3,1)	
▪ Si			
Hay pediluvios y/o lavabotas en la entrada de la granja y se utilizan	30 (100)	0 (0)	0,143
▪ No hay	4 (80,0)	1 (20,0)	
▪ Si hay			

Anexo 9. Variables del estudio

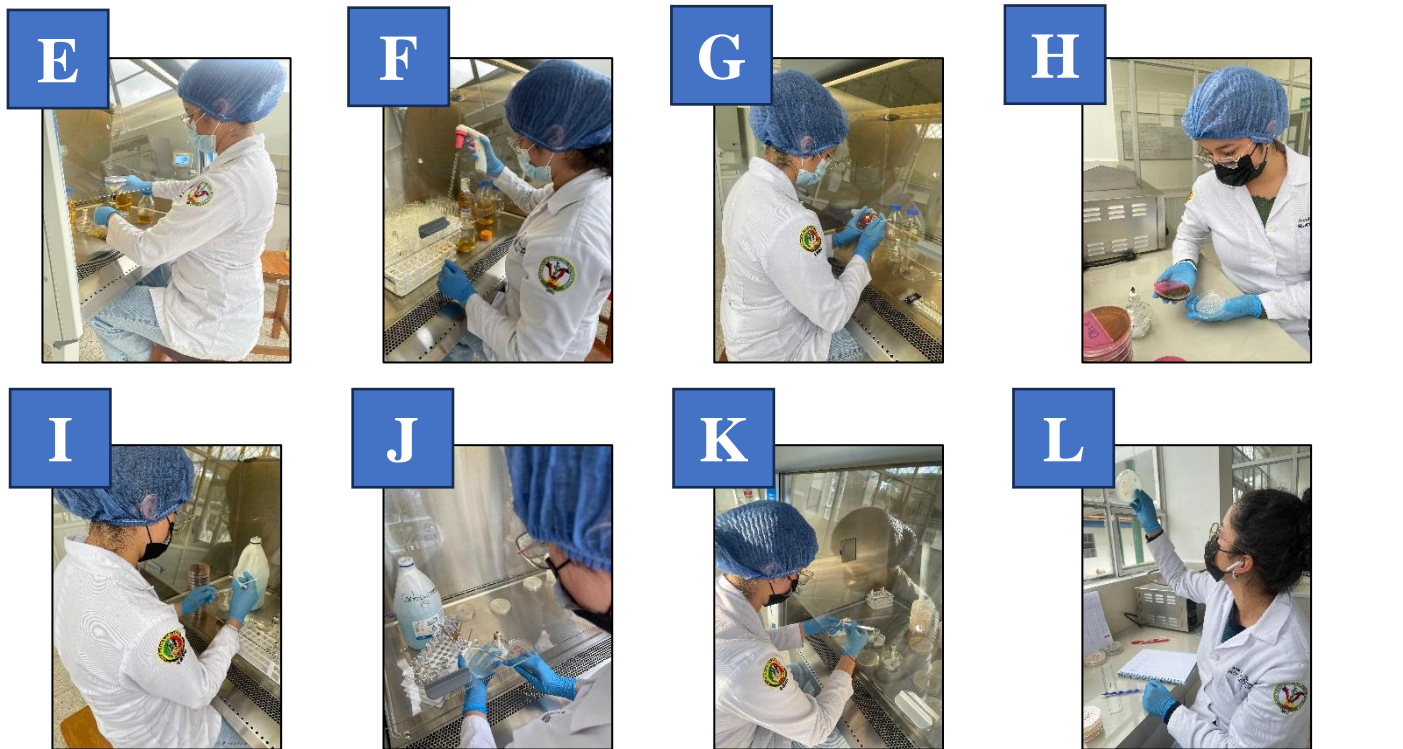
N	Variable	Definición	Indicador	Tipo de variable
1	Presencia/ausencia de <i>Escherichia</i> spp.	Indica si la bacteria <i>Escherichia</i> spp. está presente o no en las muestras tomadas de las granjas.	Presente Ausente	Cualitativa Nominal
2	Presencia/ausencia de <i>Enterobacter</i> spp.	Indica si la bacteria <i>Enterobacter</i> spp. está presente o no en las muestras tomadas de las granjas.	Presente Ausente	Cualitativa Nominal
3	Presencia/ausencia de <i>Klebsiella</i> spp.	Indica si la bacteria <i>Klebsiella</i> spp. está presente o no en las muestras tomadas de las granjas.	Presente Ausente	Cualitativa Nominal
4	Presencia/ausencia de <i>Proteus</i> spp.	Indica si la bacteria <i>Proteus</i> spp. está presente o no en las muestras tomadas de las granjas.	Presente Ausente	Cualitativa Nominal
5	Etapa	Las fases productivas en la cría de porcinos, tiene diferentes protocolos de manejo, tipos de alimentación y controles sanitarios. Esto para garantizar su mejor rendimiento y rentabilidad.	Engorde Madres Verracos	Cualitativa Nominal
6	Instalaciones	Si bien las razas criollas son más rústicas que las razas puras, en Zamora Chinchipe existe una creciente tendencia de criar animales con una genética mejorada. La calidad de las instalaciones y los materiales aseguran una buena crianza	Industrial Tradicional	Cualitativa Nominal
7	Alimentación	Al ser un animal omnívoro, el alimento suministrado debe cubrir todas las necesidades nutricionales, además de ser palatable, digerible y contribuir con la composición adecuada de la microbiota porcina.	Balanceado Lavaza Mixto	Cualitativa Nominal
8	Medicamentos	Contribuyen al buen estado de salud de los animales	Antibióticos Minerales Antiparasitarios Vacunas Suplementos	Cualitativa Nominal
9	Limpieza del silo	Una frecuente limpieza del silo previene la proliferación de microorganismos potencialmente patógenos que pueden afectar los niveles productivos de los cerdos.	> 4 veces al año < 4 veces al año	Cuantitativa Nominal
10	Resistencia de las enterobacterias aisladas	Indica si las bacterias aisladas son o no resistentes a las betalactamasas	Sensible Intermedio Resistente	Cualitativa Ordinal

Anexo 10. Trabajo de campo y de laboratorio.

Trabajo de campo




Trabajo de laboratorio



Nota: **A.** Toma de muestras fecales directo del recto del animal. **B.** Rotulación de los envases de muestras de heces. **C.** Conservación de las muestras en el cooler con una temperatura de 2 a 8 °C, para ser transportadas hasta el laboratorio. **D.** Congelación de las muestras a -18 °C, hasta su procesamiento con los coprocultivos. **E.** Pre-enriquecimiento de las muestras. **F.** Dilución hasta 10^{-2} para el coprocultivo. **G.** Siembra de los agares. **H.** Interpretación macroscópica de las colonias. **I.** Siembra en las pruebas bioquímicas. **J.** Inoculación de las placas Muller-Hilton. **K.** Colocación de los discos de antibióticos. **L.** Lectura de los antibiogramas.

Anexo 11. *Certificado de traducción del resumen.*

I can do it #YoSoyEuroPeek	 EUROpeek INSTITUTO DE IDIOMAS	Dirección: Calle La Condamine 26-37 y Avenida PioJaramillo Alvarado. Edificio Rosalía. www.europeek.com.ec europeekloja@gmail.com Secretaría de Cualificaciones Profesionales y Gestión Artesanal Res. Nro. MDT-SCPGA-2023-0347
		LOJA-ECUADOR
		Loja, 25 de Febrero 2025
	CERTIFICADO DE TRADUCCION	
	EUROpeek INSTITUTO DE IDIOMAS	
	CERTIFICA:	
	Que la Licenciada Diana Priscila Ordoñez Ordoñez, portadora de la Cédula 1150616355 con registro en SENESCYT 1031-2022-2537177 Licenciada en Ciencias de la Educación mención en Inglés ha realizado la traducción de español a inglés del resumen de la Tesis titulada: “Evaluación de la resistencia antimicrobiana de enterobacterias Gram-negativas aisladas en heces de granjas porcinas de la provincia de Zamora Chinchipe” . De autoría de Ana María Yaguana Salazar , portadora de la cédula de identidad nro. 1105716235.	
	Como Representante Legal de EUROpeek Instituto de Idiomas, lo certifico en honor a la verdad, facultando a la interesada hacer uso del presente documento en lo que creyere conveniente.	
	 <small>NORALMA SORAYA ORDOÑEZ ORTEGA</small>	
	Mg.Sc. Noralma Ordóñez Ortega REPRESENTANTE LEGAL EUROpeek INSTITUTO DE IDIOMAS	
	R.U.C.: 1102404553001	