



Universidad
Nacional
de Loja

Universidad Nacional de Loja

Facultad Agropecuaria y de Recursos Naturales Renovables

Carrera de Medicina Veterinaria

Evaluación de bacterias Gram positivas presentes en heces de porcinos de la provincia de Zamora Chinchipe

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

AUTOR:

Santos Alcivar Allasiche Cango

DIRECTOR:

Bqf. Jessica Ilenia Valdivieso Tituana, MSc

Loja – Ecuador

2025

Certificación de Tesis

Loja, 30 de enero de 2025

Bqf. Jessica 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 bacterias Gram positivas presentes en heces de porcinos de la provincia de Zamora Chinchipe de autoría del estudiante Santos Alcivar Allasiche Cango, con cédula de identidad Nro.1950076560 previo a la obtención del título de MÉDICO VETERINARIO. 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.



Firmado electrónicamente por:
**JESSICA ILENIA
VALDIVIESO
TITUANA**

Bqf. Jessica Ilenia Valdivieso Tituana, MSc

DIRECTOR DEL TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR

Autoría

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

Firma:



Cédula de identidad: 1950076560

Fecha: 18 de marzo del 2025

Correo electrónico: santos.allasiche@unl.edu.ec

Teléfono: 0967964884

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, **Santos Alcivar Allasiche Cango**, declaro ser autor del Trabajo de Integración Curricular o de Titulación denominado: **Evaluación de bacterias Gram positivas presentes en heces de porcinos de la provincia de Zamora Chinchipe**, como requisito para optar por el título de **Médico Veterinario**, autorizo al sistema Bibliotecario de la Universidad Nacional de Loja para que, con fines académicos, muestre la producción intelectual de la Universidad, a través de la visibilidad de su contenido en el Repositorio Institucional.

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

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

Para constancia de esta autorización, en la ciudad de Loja, a los dieciocho días del mes de marzo de dos mil veinticinco.

Firma:



Autor: Santos Alcivar Allasiche Cango

Cédula: 1950076560

Dirección: Ciudad alegría

Correo electrónico: santos.allasiche@unl.edu.ec

Teléfono: 0967964884

DATOS COMPLEMENTARIOS:

Director/a del Trabajo de Integración Curricular: Bqf. Jessica Ilenia Valdivieso Tituana, MSc

Dedicatoria

Dedico este trabajo con especial cariño a mis padres, Beronica Cango y Nolberto Allasiche, por ser mi pilar fundamental. Agradezco su amor incondicional, su apoyo constante y su confianza en cada paso de mi camino. Gracias por enseñarme el valor del esfuerzo y por motivarme a perseguir mis sueños.

A mis hermanos, compañeros de vida, por su constante aliento, su paciencia y su complicidad en cada momento importante.

A mis abuelitos, por sus sabias enseñanzas, su cariño inmenso y por ser un ejemplo de fortaleza y dedicación.

Y a mis tíos, por su apoyo generoso, sus consejos valiosos y por demostrarme siempre que el amor de familia no tiene límites.

Santos Alcivar Allasiche Cango

Agradecimiento

En primera instancia, doy gracias a Dios, quien ha sido una fuente de fortaleza y guía en cada paso de este camino, por darme la sabiduría, la paciencia y las oportunidades necesarias para alcanzar esta meta. Agradezco a mi familia por su apoyo incondicional y por ser parte de este capítulo importante de mi vida.

A mi director de tesis, Bqf. Jessica Valdiviezo, por su invaluable orientación, paciencia y dedicación. Su conocimiento y compromiso han sido esenciales para la culminación de este trabajo, y le estará eternamente agradecido por su apoyo en este proceso formativo. También quiero agradecer al equipo docente del Grupo de Inocuidad y Sanidad Animal (GISA).

Gracias a mi alma mater, la Universidad Nacional de Loja, por proporcionarme las herramientas necesarias para mi desarrollo profesional y personal. Agradezco mucho este espacio académico que me permitió aprender, cuestionar y soñar con un futuro mejor.

Santos Alcivar Allasiche Congo

Índice de contenidos

| | |
|--|-----------|
| Certificación de Tesis | ii |
| Autoría..... | iii |
| Carta de autorización | iv |
| Dedicatoria | v |
| Agradecimiento | vi |
| Índice de contenidos | vii |
| Índice de tablas | ix |
| Índice de figuras | x |
| Índice de anexos..... | xi |
| 1. Título | 1 |
| 2. Resumen | 2 |
| 2.1 Abstract | 3 |
| 3. Introducción..... | 4 |
| 4. Marco Teórico | 6 |
| 4.1 Microbiota | 6 |
| 4.2 Bacterias Gram positivas prevalentes en la microbiota intestinal del cerdo..... | 7 |
| 4.2.1 <i>Lactobacillus spp</i> | 7 |
| 4.2.2 <i>Clostridium spp</i> | 7 |
| 4.2.3 <i>Eubacterium spp</i> | 7 |
| 4.2.4 <i>Propionibacterium spp</i> | 8 |
| 4.2.5 <i>Streptococcus spp</i> | 8 |
| 4.3 Microorganismos favorables en la microbiota intestinal del cerdo..... | 8 |
| 4.3.1 Género <i>Lactobacillus</i> | 8 |
| 4.3.2 Género <i>Bacillus</i> | 9 |
| 4.3.3 Género <i>Bifidobacterium</i> | 9 |
| 4.3.4 Género <i>Eubacterium</i> | 10 |
| 4.4 Microorganismos patógenos en la microbiota intestinal del cerdo. | 10 |
| 4.5 Granjas porcinas..... | 11 |
| 4.5.1 <i>Producción porcina en Ecuador</i> | 11 |
| 4.5.2 <i>Producción porcina en la provincia de Zamora Chinchipe</i> | 12 |
| 4.6 Influencia de microorganismos Gram positivos en la salud pública..... | 12 |
| 4.6.1 <i>Beneficiosos</i> | 12 |
| 4.6.2 <i>Patógenos</i> | 12 |
| 4.7 Métodos de cultivo para bacterias Gram positivas..... | 13 |
| 4.7.1 <i>Agar manitol salado (MSA)</i> | 13 |
| 4.7.2 <i>Agar sangre</i> | 13 |
| 4.8 Técnicas de tratamiento de heces | 13 |
| 4.8.1 <i>Coprocultivo</i> | 13 |
| 4.8.2 <i>Examen directo</i> | 14 |

| | |
|---|-----------|
| 4.8.3 Hisopado rectal..... | 14 |
| 5. Metodología..... | 15 |
| 5.1 Área de estudio..... | 15 |
| 5.2 Procedimiento..... | 15 |
| 5.2.1 Enfoque metodológico | 15 |
| 5.2.2 Diseño de la investigación..... | 15 |
| 5.2.3 Tamaño de la muestra y tipo de muestreo | 15 |
| 5.2.4 Técnicas..... | 16 |
| 5.2.5 Variables de estudio | 17 |
| 5.2.6 | |
| Procesamiento y análisis de la información | 18 |
| 5.2.7 Consideraciones éticas | 18 |
| 5. Resultados | 19 |
| 6. Discusión | 24 |
| 7. Conclusiones..... | 31 |
| 8. Recomendaciones..... | 32 |
| 9. Bibliografía..... | 33 |
| 10. Anexos..... | 47 |

Índice de tablas

| | |
|---|----|
| Tabla 1. Selección de granjas en la provincia de Zamora Chinchipe | 15 |
| Tabla 2. Características de granjas porcinas de Zamora Chinchipe | 19 |
| Tabla 3. Bacterias aisladas en las granjas porcinas de la provincia de la Zamora Chinchipe. 20 | |
| Tabla 4. Bacterias en las categorías porcinas | 21 |
| Tabla 5. Recuento de <i>Lactobacillus spp</i> | 21 |
| Tabla 6. Chi-cuadrado de <i>Bacillus spp</i> | 22 |

Índice de figuras

| | |
|--|----|
| Figura 1. Ubicación geográfica de las granjas porcinas de la provincia de Zamora Chinchipe | 15 |
| Figura 2. Dendrograma..... | 23 |

Índice de anexos

| | |
|---|----|
| Anexo 1. Procedimiento para la detección de bacterias Gram-positivas | 47 |
| Anexo 2. Encuesta..... | 47 |
| Anexo 3. Identificación de bacterias Gram positivas en granjas tradicionales | 48 |
| Anexo 4. Identificación de bacterias Gram positivas en granjas industriales | 48 |
| Anexo 5. Trabajo de Laboratorio | 49 |
| Anexo 6. Trabajo de campo | 50 |
| Anexo 7. Certificación de traducción de ingles | 51 |

1. Título

Evaluación de bacterias Gram positivas presentes en heces de porcinos de la provincia de Zamora Chinchipe

2. Resumen

La microbiota intestinal influye significativamente en la salud de los animales al intervenir en múltiples diversas funciones fisiológicas. En los últimos años, las granjas porcinas han avanzado significativamente en la producción para mejorar su estatus. No obstante, en la actualidad los trastornos digestivos asociados a desequilibrios en la microbiota, denominados disbiosis, han adquirido una importancia particular en la producción porcina. Por lo cual, se realizó la evaluación de bacterias Gram positivas presentes en heces de porcinos de la provincia de Zamora Chinchipe en 35 granjas, observándose una mayor prevalencia en el sistema de crianza tradicional, con una alimentación a base de balanceado y el uso de antibióticos. Se identificó bacterias como: *Bacillus spp*, *Micrococcus spp*, *Staphylococcus aureus*, *Estafilococos coagulasa negativa* y *Streptococcus spp.*, en el recuento de *Lactobacillus spp*, se obtuvo un promedio de $7.21 \cdot 10^{11}$ a 10^{12} UFC/ml en todas las categorías, se observó la asociación entre la presencia de *Bacillus spp* y el sistema de crianza. En el análisis del dendrograma se observaron 4 grupos distintos con características similares. Aunque estos microorganismos pueden ser benéficos, su proliferación descontrolada puede volverse patógena. Factores como la edad, la alimentación, el estrés, la higiene y el entorno, pueden influir en este desequilibrio, afectando tanto la salud como el rendimiento de los cerdos.

Palabras clave: microbiota, cerdos, bacterias, disbiosis, crianza

2.1 Abstract

The intestinal microbiota significantly influences animal health by participating in multiple physiological functions. In recent years, pig farms have made significant advancements in production to improve their status. However, digestive disorders associated with microbiota imbalances, known as dysbiosis, have gained particular importance in pig production. Therefore, an evaluation of Gram-positive bacteria present in pig feces was conducted in 35 farms in the province of Zamora Chinchipe. A higher prevalence was observed in traditional farming systems, which use balanced feed and antibiotics. Identified bacteria included *Bacillus spp.*, *Micrococcus spp.*, *Staphylococcus aureus*, coagulase-negative *Staphylococcus*, and *Streptococcus spp.* The *Lactobacillus spp.* count averaged between 7.21×10^{11} and 10^{12} CFU/ml across all categories. An association between the presence of *Bacillus spp.* and the farming system was observed. The dendrogram analysis revealed four distinct groups with similar characteristics. Although these microorganisms can be beneficial, their uncontrolled proliferation may become pathogenic. Factors such as age, diet, stress, hygiene, and environment can influence this imbalance, affecting both the health and performance of pigs.

Keywords: microbiota, pigs, bacteria, dysbiosis, farming.

3. Introducción

El tracto digestivo en los animales está conformado por una amplia diversidad de microorganismos, incluyendo bacterias Gram positivas. Antes del nacimiento, el tracto digestivo es estéril, y su colonización comienza con el parto (Roca, 2008). En los cerdos, la composición de la microbiota intestinal está influenciada por factores como la genética, edad, alimentación, el entorno, el peso corporal, la salud y el uso de antibióticos. Sin embargo, la dieta es el factor clave que determina la estructura de la microbiota (Wang et al., 2019).

Los porcinos adquieren gran parte de su microbiota intestinal tanto de su madre como del ambiente en el que se desarrollan. Existe un traslado de bacterias desde el intestino materno hacia las crías, inicialmente a través de la placenta y, de manera más significativa, mediante el calostro y la leche materna a través de la ruta enteromamaria. Durante el destete, los lechones, cuyo sistema inmunológico aun es inmaduro, enfrentan un estrés significativo debido a la separación de la madre y al cambio de ambiente. Al mismo tiempo, experimentan una transición abrupta en la alimentación, al pasar de una dieta basada en leche a consumir concentrado. Esto incrementa la diversidad de la microbiota haciéndola más similar a la de los animales adultos (Miranda, 2018).

La microbiota es un ecosistema conformado por una amplia variedad de microorganismos, tanto benéficos como potencialmente patógenos, que mantienen un equilibrio relativamente estable (Miranda, 2018). Dentro de las bacterias que favorecen la salud intestinal se encuentran aquellas del género *Bifidobacterium*, así como las bacterias del ácido láctico, entre ellas *Lactobacillus spp* y ciertas especies de *Streptococcus*. Por otro lado, algunas especies de los géneros *Bacteroides* y *Clostridium*, así como ciertas bacterias de la familia *Enterobacteriaceae*, pueden ser perjudiciales debido a sus funciones metabólicas o su capacidad patogénica (Roca, 2008).

Clostridium difficile en lechones suelen causar lesiones localizadas en la región cecal, manifestándose como colitis entérica necrotizante, edema mesocolonico, ascitis, hidrotórax, tiflocolitis, diarrea con exudado inflamatorio, edema submucoso extenso, proliferación de la mucosa, inflamación celular y daño epitelial generalizado (Arruda & Arruda, 2021; Andino & Quesada, 2022). De la misma manera *Clostridium perfringens*, afecta a lechones recién nacidos entre 1 a 5 días, provocando, la diarrea infecciosa, caracterizada por una alta mortalidad (INTA, 2010). Por otra parte, *Streptococcus suis*, se manifiesta con problemas neurológicos,

septicemias, poliartritis, endocarditis, trastornos reproductivos, poliserositis y bronconeumonías (Luque et al., 1999; Tarradas et al., 2004; Higgins y Gottschalk, 2006).

La microbiota intestinal del cerdo experimenta cambios a lo largo de su desarrollo y no permanece constante, sino que se estabiliza en la adultez. Su composición depende de diversos factores, como la microbiota materna, el entorno y la alimentación, entre otros. Aunque posee una notable capacidad de resiliencia, las modificaciones prolongadas en alguno de estos factores pueden afectar su equilibrio y su composición (Miranda, 2018).

En el Ecuador, especialmente en la región amazónica, existen pocos estudios sobre indicadores de productividad que permitan determinar los puntos críticos del problema de la porcicultura. Debido a que la producción porcina es el doble en comparación con los bovinos y pollos (Muñoz et al., 2020). Por ello, esta investigación resulta fundamental para mejorar la salud y el bienestar animal, igualmente, es preciso conocer acerca de los cuidados sanitarios, instalaciones y enfermedades, presentes en las diferentes granjas. Todo esto con el propósito de contribuir a la mejora de la calidad de la carne de cerdo y la seguridad alimentaria. En este aspecto, el estudio cobra importancia, ya que, según la Asociación de Porcicultores del Ecuador, el consumo anual per cápita de carne de cerdo en el país ha aumentado en 11 kg por persona y continúa en ascenso (ASPE, 2022).

En este contexto, la presente investigación tiene como objetivo identificar la presencia de las bacterias Gram positivas en heces de porcinos de la provincia de Zamora Chinchipe, con el fin de determinar si están causando o no, problemas gastrointestinales en la especie porcina, ya sea debido a factores a corto o largo plazo, incluyendo factores ambientales, nutricionales y de estrés. La información obtenida será de gran utilidad para los porcicultores, ya que permitirá mejorar la producción de la granja. Además, este estudio contribuirá al conocimiento científico y tendrá impacto positivo para la salud animal, la porcicultura, la sostenibilidad ambiental y en la economía local.

4. Marco Teórico

4.1 Microbiota

El intestino del cerdo contiene una población microbiana dinámica que constituye un ecosistema complejo y mantiene una relación simbiótica con el animal. Esta microbiota intestinal es crucial para las funciones nutricionales, fisiológicas e inmunológicas del cerdo (Lee & Mazmanian, 2010; Brestoff & Artis, 2013). La colonización de estos microbios es un proceso intrincado que depende de varios factores, incluyendo la especie del animal, su edad, el método de nacimiento y el entorno en el que vive (Roca Canudas, 2008).

Las bacterias intestinales se agrupan en especies que pueden causar efectos negativos y en aquellas que ofrecen beneficios (Giraldo et al., 2015). La microbiota intestinal no permanece constante durante toda la vida del animal, sino que experimenta cambios hasta alcanzar una estabilidad en la edad adulta (Odamaki et al., 2016). Los cerdos obtienen gran parte de su microbiota intestinal de su madre y del entorno en el que crecen durante los primeros días de vida (Miranda, 2018). Swords et al. (1993), propusieron en su investigación, dividir la colonización del tracto digestivo en tres etapas distintas. La primera tiene lugar desde el nacimiento hasta el final de la primera semana de vida. La segunda abarca entre el cierre de la primera semana y el término de la lactancia. Finalmente, la tercera etapa inicia con el destete.

En la primera etapa, la colonización del tracto gastrointestinal comienza en el momento del parto, cuando el lechón entra en contacto con la microbiota vaginal de la madre, con la piel, heces y de otras bacterias que se encuentran en el medio (Conway, 1997; Roca Canudas, 2008).

En la segunda etapa, que corresponde a la lactancia de los lechones, Swords et al. (1993), evidenciaron que las bacterias aeróbicas son reemplazadas de manera constante por bacterias anaeróbicas. Entre los grupos bacterianos predominantes se identifican *Clostridium spp.*, *Eubacterium spp.*, *Fusobacterium spp.*, *Propionibacterium spp.*, y diversas bacterias anaeróbicas pertenecientes al grupo *Streptococci*. Asimismo, las inmunoglobulinas presentes en la leche materna brindan protección frente a microorganismos patógenos, lo que puede afectar la composición de la microbiota (Tajima & Aminov, 2015).

La tercera comienza con el destete, un proceso en el que se produce la sustitución de ciertas bacterias anaeróbicas Gram positivas del género *Bacteroides spp.* A los 120 días de edad, las bacterias aeróbicas representaban menos del 0,1% del total de las poblaciones

bacterianas (Swords et al., 1993). Durante el destete, los lechones que aun poseen un sistema inmunitario inmaduro, experimentan un gran estrés debido a la separación de la madre y al cambio de entorno. Asimismo, su alimentación cambia de forma abrupta, al pasar de una dieta a base de leche a consumir concentrado. Este cambio promueve una mayor diversidad en la microbiota intestinal, acercando su composición a la de los cerdos adultos.

4.2 Bacterias Gram positivas prevalentes en la microbiota intestinal del cerdo

4.2.1 *Lactobacillus spp*

Las especies pertenecientes a este género son anaerobias, se caracterizan por su metabolismo estrictamente fermentativo y prefieren ambientes ácidos. Tienen complejas necesidades nutricionales y utilizan glucosa como fuente de carbono (Macias, 2008).

Dentro de las especies de *Lactobacillus* cultivables en el tracto intestinal del cerdo están: *L. acidophilus*, *L. salivarius*, *L. brevis*, *L. johnsonii*, *L. crispatus*, *L. agilis*, *L. fermentum*, *L. amylovorus*, *L. delbrueckii*, *L. reuteri*, *L. plantarum* (Stewart, 1999; Macias, 2008).

Durante la primera fase de colonización de la microbiota intestinal, las bacterias del grupo *Lactobacillus spp*, son de las más abundantes, pudiendo representar entre el 8% y el 10% del total de población microbiana (Swords et al. 1993).

4.2.2 *Clostridium spp*

Son bacterias grandes, gram-positivas, formadoras de esporas y estrictamente anaerobias, aunque toleran el oxígeno. Las enfermedades entéricas provocadas por estos microorganismos representan un desafío para productores, veterinarios y especialistas en diagnóstico, a pesar de la existencia de productos inmunoprolácticos para ciertas especies y variantes. *Clostridium perfringens* tipos A y C, y *Clostridium difficile* son los principales clostridios patógenos en los cerdos (Songer & Uzal, 2005).

En los cerdos, entre las principales especies de *Clostridium* cultivables en el tracto digestivo están: *C. perfringens*, *C. putrificum*, *C. welchii* (Stewart, 1999; Macias, 2008).

4.2.3 *Eubacterium spp.*

El género *Eubacterium* abarca un grupo heterogéneo de bacilos anaeróbicos grampositivos que no forman esporas, pueden ser móviles o inmóviles, muchos de los cuales tienen un crecimiento lento, son exigentes y generalmente no reaccionan en las pruebas bioquímicas. Por esta razón, el cultivo y la identificación de aislados son difíciles y la

taxonomía del grupo sigue siendo incierta (Downes et al., 2001; Mukherjee et al., 2020). Dentro de las principales especies que se encuentran en el tracto intestinal de los cerdos, están: *E. cylindroids*, *E. tenue*, *E. rectal*, *E. lentum* (Stewart, 1999; Macias, 2008).

4.2.4 *Propionibacterium* spp.

Las especies de *Propionibacterium* son bacilos gram positivos, es decir, son inmóviles y no producen esporas bacterianas. Estas bacterias son catalasa-positivas, miden entre 1 y 5 μm de longitud. Se consideran anaeróbicas o relativamente anaeróbicas. La mayoría de las especies son mesófilas, pero no pueden resistir temperaturas mucho más altas, sobreviviendo hasta 20s a 70°C. Su temperatura óptima de crecimiento es de 30°C. Los siguientes factores tienen un efecto inhibitorio sobre el género *Propionibacterium*: alta acidez, temperaturas extremas, alta concentración de sal y baja actividad de agua (Piwowarek et al., 2017). Las especies cultivables de mayor relevancia en el tracto digestivo del cerdo son: *P. granulosum*, *P. acnés* (Stewart, 1999; Macias, 2008).

4.2.5 *Streptococcus* spp.

Este género es altamente diverso y está compuesto por bacterias redondeadas, grampositivas, con un diámetro inferior a 2 μm . Son catalasa negativas y anaerobias facultativas, a menudo formando cadenas o pares. Estas bacterias fermentan la glucosa y producen ácido láctico. Su ADN contiene entre 34% y un 46% de guanina y citosina (G+C) (Montes & Garcia, 2007).

En la microbiota del cerdo, las especies de *Streptococcus* que se pueden cultivar incluyen: *S. equines*, *S. salivarius*, *S. bovis*, *S. intestinalis*, *S. morbillorum*, *S. intermedius*, *S. durans* (Stewart, 1999; Macias, 2008).

4.3 Microorganismos favorables en la microbiota intestinal del cerdo

4.3.1 Género *Lactobacillus*

Los bacilos Gram-positivos anaerobios facultativos del género *Lactobacillus* son delgados, no esporulados y pueden formar cadenas de tamaño variable. Se encuentran naturalmente en la flora bacteriana de la cavidad oral, el sistema gastrointestinal y el tracto genitourinario de la hembra. Debido a sus requerimientos particulares de crecimiento y a un largo periodo de incubación, su presencia en muestras clínicas a menudo pasa inadvertida (Cabrera et al., 2010).

Lactobacillus fermentum, produce compuestos antimicrobianos proteicos y ejerce inmunomoduladores contra Salmonella. *Lactobacillus reuteri*, mejora la salud durante episodios diarreicos mediante la producción de linfocitos CD4-positivos en el epitelio del íleon. *Lactobacillus acidophilus* previene infecciones por E. coli, al inhibir la transcripción de genes relacionados en la colonización (Macias, 2008).

Lactobacillus spp es predominante en el intestino grueso de los lechones antes del destete y juega un papel fundamental en la prevención de enfermedades, la mejora del rendimiento y el mantenimiento del equilibrio natural del sistema digestivo (Pluske et al., 2003; Fohse et al., 2016).

4.3.2 Género Bacillus

Este género forma parte de la familia Bacillaceae, se caracterizan por ser grampositivos, de forma bacilar, catalasa positiva, aerobios estrictos o anaerobios facultativos y son capaces de formar endosporas (Tejera et al., 2011).

De acuerdo con Milian et al., (2008), una característica notable de los Bacillus es su capacidad para producir enzimas hidrolíticas, lo que favorece una mejor utilización de los alimentos. Estas enzimas incluyen proteasas, amilasas y glicosidasas, que descomponen las moléculas complejas de los alimentos en nutrientes más sencillos. Estos nutrientes son rápidamente absorbidos por el animal o utilizados por otras bacterias beneficiosas, ayudando a establecer una microflora intestinal equilibrada.

Ciertas especies de *Bacillus* usadas como probióticos en la dieta de los cerdos ha crecido significativamente, apoyado por numerosos estudios que reportan beneficios como la activación del sistema inmunológico, la acción antimicrobiana y la exclusión competitiva. Estas bacterias pueden desarrollarse en el tracto gastrointestinal y se consideran residentes temporales del mismo (Cutting, 2011). Diversas especies formadoras de esporas de este género como *B. subtilis*, *B. licheniformis* y *B. cereus var.* han sido empleadas en la industria porcina. Numerosos suplementos dietéticos a base de Bacillus han demostrado mejoras en el crecimiento, el aprovechamiento del alimento y la salud digestiva (Gaggia et al., 2010; Sun et al., 2010; Kenny et al., 2011; Novak et al., 2012).

4.3.3 Género Bifidobacterium

Las bacterias de este género son Gram positivos, anaerobios, inmóviles, sin capacidad de esporulación y catalasa negativos. Presentan una gran variedad de formas, que incluyen estructuras cocoides, con protuberancias y bifurcaciones, extremos espatulados o disposición

en cadenas estrelladas. Su nombre proviene de las formas en Y o V que pueden adoptar ocasionalmente (Delgado, 2005). La temperatura óptima para su crecimiento es de 36 a 38°C en humanos y de 41 a 43°C en especies de origen animal.

El género *Bifidobacterium* es reconocido por sus efectos probióticos en cerdos y otros animales, favoreciendo la mejora de diversos parámetros de producción como el crecimiento, la eficiencia en la conversión alimenticia, la utilización de nutrientes, la salud intestinal, la regulación inmunológica y la modulación de la microbiota intestinal (Cho et al., 2011; Kumar et al., 2015) En un estudio reciente mostro que *Bifidobacterium* puede suprimir la proliferación celular en tumores, asociando esta acción con el estrés oxidativo en las células malignas (Górska et al., 2019).

Los resultados indican que la abundancia de *Bifidobacterium* puede aumentar hacia el final del experimento mediante la suma de AEO y *Bacillus subtilis*, además de la implementación del destete tardío a los 28 días, beneficiando al hospedador con su función probiótica durante la transición a una nueva etapa productiva.

4.3.4 Género *Eubacterium*

El género *Eubacterium* incluye bacilos gram-positivos, que pueden ser uniformes o pleomórficos, no forman esporas, son estrictamente anaeróbicos y quimioorganotrofos. Las especies de este género pueden ser sacaroclasticas o no sacaroclasticas y algunas son móviles mientras que otras son inmóviles. Varios miembros del género producen butirato, una sustancia clave en la regulación de la energía, la motilidad del colon, la inmunomodulación y la reducción de la inflamación intestinal (Mukherjee, 2020)

4.4 Microorganismos patógenos en la microbiota intestinal del cerdo.

Las bacterias patógenas *Clostridium difficile*, *Clostridium perfringens* y *S. suis*, son microorganismos de gran importancia en la microbiota intestinal del cerdo, ya que pueden causar graves enfermedades con impacto en la salud animal y la producción porcina. *C. difficile* es un agente patógeno oportunista que afecta principalmente a los lechones neonatos, provocando colitis entérica necrotizante, edema mesocolico, ascitis, hidrotórax, tiflocolitis, diarrea con exudado inflamatorio, inflamación celular, daño epitelial generalizado, edema submucoso extenso y proliferación de la mucosa (Arruda & Arruda, 2021; Andino & Quesada, 2022).

Por su parte, *Clostridium perfringens*, especialmente los tipos A y C, es una de las principales causas de diarrea infecciosa, que se la asocia con una elevada mortalidad,

afectando principalmente a lechones neonatos entre el primer y el quinto día, aunque también puede manifestarse hasta las tres semanas de edad (INTA, 2010). Finalmente, *Streptococcus suis* es un agente bacteriano que no solo afecta al tracto digestivo, sino que también se asocia con problemas neurológicos, septicemias, poliartritis, endocarditis, trastornos reproductivos, poliserositis y bronconeumonías (Luque et al., 1999; Tarradas et al., 2004; Higgins y Gottschalk, 2006).

4.5 Granjas porcinas

4.5.1 Producción porcina en Ecuador

En las últimas décadas, la producción porcina a nivel comercial ha experimentado un crecimiento significativo. Esta actividad no solo es crucial para la seguridad alimentaria, proporcionando una importante fuente de proteínas, y también representa un respaldo económico, ya que muchas personas se dedican a la cría de cerdos como una fuente de ingresos complementaria. Por lo tanto, la crianza de cerdos para la producción de carne se ha convertido en una de las actividades pecuarias más importantes, comparada con la producción de res y pollo (Yagual, 2015).

Los cerdos son más eficientes que los bovinos, con un rendimiento en canal hasta el 75%. Además, su ciclo productivo relativamente corto permite que se críen desde el nacimiento hasta alcanzar los 100 kg en solo 6-7 meses, con una conversión alimenticia de alrededor de 3,5 kg de alimento por cada kg de peso ganado (Intagri, 2019).

Según la Asociación de Porcicultores del Ecuador (ASPE, 2022), el sector porcino en el país creció un 40,9% entre 2010 y 2017, pasando de 95 mil a 161 mil toneladas de producción. Para el 2018, alcanzo las 173.194 mil toneladas. Este crecimiento se atribuye a los esfuerzos de los productores por optimizar recursos y aumentar la competitividad a través de las mejoras en aspectos sociales, económicos y sanitarios. Como resultado, la producción ha llegado a 206 mil toneladas de carne anual, con un consumo per cápita de 11 kg por persona al año, representando el 8% del PIB agropecuario

En el Ecuador hay cerca de 1,737 granjas dedicadas a la porcicultura, de las el 85% son de tipo familiar, mientras que el 15% restante corresponde a granjas industriales, que contribuyen con el 21% de la producción.

4.5.2 Producción porcina en la provincia de Zamora Chinchipe

Para el año 2022, la provincia de Zamora Chinchipe contaba con 2.981 porcinos. De estos, el 61,25% eran de raza, el 20,06% eran criollos y el 18,67% eran mestizos. Este dato es relevante, ya que el manejo de animales puros requiere más cuidados en comparación con los animales mestizos o criollos, debido a que los animales locales tienen una mayor rusticidad que los animales de raza importados (Echeverría & Vidales, 2008; ASPE, 2017; Salazar, 2022).

4.6 Influencia de microorganismos Gram positivos en la salud pública

4.6.1 Beneficiosos

Las bacterias lácticas, algunas de ellas con propiedades probióticas, forman parte del grupo de microorganismos beneficiosas.

Estas bacterias generan varios metabolitos, como vitaminas y ciertos polisacáridos conocidos como prebióticos, que promueven el crecimiento de la microbiota beneficiosa en el tracto gastrointestinal y pueden tener efectos sobre la modulación del sistema inmune (López, 2022).

Lactobacillus acidophilus., proporciona varios beneficios como adherirse al epitelio intestinal, mantener el equilibrio de la microbiota intestinal y fortalecer la respuesta inmune. Por otro lado, *Bacillus subtilis* se emplea en la bacterioterapia oral, restaurando la microbiota normal y fortaleciendo la capacidad del sistema inmunitario para combatir infecciones y enfermedades (Salminen, et al; 1998).

4.6.2 Patógenos

Entre los microorganismos Gram positivos que impactan la salud pública se encuentra *C. difficile*. Este microorganismo ha sido estudiado en diversas especies de animales de producción, como cerdos y bovinos, identificándose su presencia. Se ha documentado su presencia en estos animales y se han propuesto hipótesis sobre su posible rol como fuente de infección zoonótica, aunque estas hipótesis aún están en debate (Andino & Quesada, 2022).

Streptococcus suis es un patógeno de gran importancia en la producción porcina, aunque que en raros casos puede afectar a los seres humanos. El primer registro de infección en humanos data de 1968 en Dinamarca. Su transmisión se da principalmente en personas con contacto directo con cerdos, manifestándose en enfermedades como meningitis purulenta,

shock séptico, falla multiorgánica, endocarditis, neumonía, artritis o peritonitis (Alarcón, 2012).

4.7 Métodos de cultivo para bacterias Gram positivas

4.7.1 Agar manitol salado (MSA)

El medio de cultivo agar sal manitol es utilizado de manera selectiva para el aislamiento de *Staphylococcus*, particularmente *Staphylococcus aureus*. Este medio también se ha utilizado en estudios de resistencia a antibióticos, donde ha mostrado una especificidad del 98,1 % y una sensibilidad del 95,1% con cepas de *Staphylococcus* resistentes a la oxacilina (Durán, Zhurbenko, & Viera, 2004).

Este medio, con una alta concentración de sal, permite el crecimiento de bacterias que pueden fermentar manitol. Lo que genera ácido y provoca un cambio en el pH del medio, alterando el indicador de pH de rojo a amarillo. Los estafilococos toleran bien estas condiciones adecuadas. Los estafilococos coagulasa positivos, que fermentan el manitol, producen colonias amarillas rodeadas de áreas amarillas, mientras que aquellos que no fermentan el manitol aparecen como colonias rojas, rodeadas de áreas rojas o púrpuras (Britania, 2021).

4.7.2 Agar sangre

El medio de cultivo agar sangre es utilizado para aislar diferentes tipos de microorganismos. Cuando se suplementa con sangre de oveja, facilita el crecimiento de microorganismos que tienen exigencias nutricionales específicas y permite una clara observación de las reacciones de hemólisis.

La mezcla de infusión de musculo cardiaco, peptona y otros componentes otorgan un alto valor nutricional al medio, facilitando el crecimiento de diversos microorganismos. El cloruro de sodio contribuye al equilibrio osmótico, mientras el agar actúa como agente solidificante. La incorporación de un 5-10% de sangre de oveja desfibrinada estéril estimula el crecimiento de bacterias que requieren más nutrientes y posibilita la observación de la reacción hemolítica de manera evidente (Britania, 2021).

4.8 Técnicas de tratamiento de heces

4.8.1 Coprocultivo

El coprocultivo se utiliza para detectar bacterias patógenas que pueden originar enfermedades y ayudar en el diagnóstico de infecciones del sistema digestivo. Debido a la

variedad de causas de las infecciones gastrointestinales, este método es crucial para determinar el agente responsable (Fernández et al., 2010).

4.8.2 Examen directo

El examen directo implica la observación de la muestra de manera inmediata. Se pueden detectar las bacterias mediante un frotis fecal al microscopio, utilizando la tinción de Gram para clasificar si son Gram positivos o negativos y también reconocer su forma y disposición (Ramírez, 2022).

4.8.3 Hisopado rectal

El hisopado rectal es una opción para estudiar el desarrollo del microbioma en cerdos durante las primeras fases de su vida, cuando obtener muestras de heces puede ser complicado. Aunque la recolección de heces es un método común para investigar el microbioma intestinal, en algunas situaciones no es la más adecuada, especialmente cuando es difícil conseguir heces frescas de animales jóvenes (Choudhury et al., 2019).

5. Metodología

5.1 Área de estudio

La investigación se llevó a cabo en los cantones de la provincia de Zamora Chinchipe, ubicada a una altitud que oscila entre 815 a 2800 msnm. La región presenta una temperatura promedio de 30°C y abarca una extensión aproximada de 10.572,03 km².

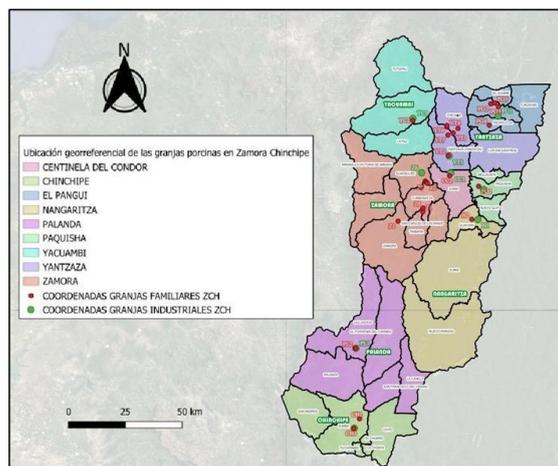


Figura 1. Ubicación geográfica de las granjas porcinas de la provincia de Zamora Chinchipe

5.2 Procedimiento

5.2.1 Enfoque metodológico

El enfoque es cuantitativo.

5.2.2 Diseño de la investigación

Estudio observacional-descriptivo de corte transversal

5.2.3 Tamaño de la muestra y tipo de muestreo

Tabla 1. Selección de granjas en la provincia de Zamora Chinchipe

| Cantón | Selección de granjas | | |
|----------------------|----------------------|------------|-----------|
| | Tradicional | Industrial | Total |
| Zamora | 8 | 1 | 9 |
| Chinchipe | 2 | 1 | 3 |
| Nangaritza | 1 | 1 | 2 |
| Yacuambi | 1 | 1 | 2 |
| Yantzaza | 6 | 1 | 7 |
| El Pangui | 4 | 1 | 5 |
| Centinela del cóndor | 1 | 1 | 2 |
| Palanda | 2 | 1 | 3 |
| Paquisha | 1 | 1 | 2 |
| Total | | | 35 |

Nota: Información obtenida de ASPE (2024)

5.2.4 Técnicas

El estudio se desarrolló en dos etapas: una fase de trabajo en campo y otra destinada al análisis en laboratorio.

5.2.4.1 Fase de campo

- **Toma y transporte de muestras**

Con el propósito de llevar a cabo esta investigación, se recolectaron muestras de heces, las cuales se colocaron en envases herméticos previamente etiquetados. Las muestras se transportaron a una temperatura de entre 2 a 8°C ([Anexo 1](#)).

- **Encuesta**

Se aplicó la encuesta a los propietarios de las granjas porcinas para determinar los factores influyen en la salud de la microbiota intestinal de los cerdos ([Anexo 2](#)).

5.2.4.2 Análisis de laboratorio

- **Pre enriquecimiento**

Se realizó pools de heces en agua peptonada y luego se incubaron a una temperatura de 37°C durante 18 a 24 horas. Luego, se llevó a cabo las diluciones seriadas hasta 10^{-10} ([Anexo 1](#)).

Cultivos de agares para Gram positivos

Se llevó a cabo la inoculación de la dilución madre y de la dilución seriada con el fin de aislar bacterias Gram positivas, utilizando la dilución seriada 10^{-2} . Para sembrar en los medios diferenciales, se utilizó de estriado por agotamiento, seguido de una incubación a 37°C por un lapso de 18 a 24 horas. Los medios usados fueron agar sangre y agar sal manitol. La interpretación se realizó basándose en las características macroscópicas de las colonias ([Anexo 1](#))

- **Identificación por pruebas bioquímicas**

Para la identificación se aplicó la prueba de coagulasa, catalasa, oxidasa.

- **Recuento de *Lactobacillus spp***

Se empleó la técnica de fundido en placa para las diluciones consecutivas 10^{-9} y 10^{-10} en agar MRS. Luego, se incubaron a 37 °C durante 18 a 24 horas, y finalmente se llevó a cabo el recuento de colonias utilizando un contador digital ([Anexo 1](#))

Fórmula para contabilizar *Lactobacillus spp*.

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

5.2.5 Variables de estudio

| N | Variables | Definición | Indicador | Escala | Tipo |
|---|---------------------------------|--|---|---------|-------------|
| 1 | Bacterias Gram positivas | Se les llama así debido al color que presentan después de someterlos a un proceso químico conocido como tinción de Gram | Presencia Ausencia | Nominal | Cualitativo |
| 2 | Etapa | Cada una de las fases tienen sus propias necesidades nutricionales y cuidados específicos para asegurar el bienestar de los cerdos y maximizar su rendimiento productivo. | Engorde Madres Verracos | Nominal | Cualitativo |
| 3 | Instalaciones | Debido a la sensibilidad de los cerdos a los climas extremos, es fundamental proporcionarles un alojamiento adecuado para mantener su salud y asegurar buenos resultados en su cría y producción. | Industrial Tradicional | Nominal | Cualitativo |
| 4 | Alimentación | El cerdo es un animal omnívoro capaz de aprovechar una amplia variedad de alimentos. El tipo de alimento administrado debe ser fácilmente aceptado, de buena utilización y que haya disponibilidad | Balanceado Lavasa Mixto | Nominal | Cualitativo |
| 5 | Medicamentos | Ayudan a prevenir y curar enfermedades | Antibióticos Minerales Antiparasitarios Vacunas Suplementos | Nominal | Cualitativo |
| 6 | Limpieza | Proceso que busca eliminar la mayoría de agentes patógenos en los objetos y superficies inanimadas dentro de las instalaciones de la granja. | <4 veces al año >4 veces al año | Nominal | Cualitativo |

5.2.6 Procesamiento y análisis de la información

Se aplicaron tablas de frecuencia absoluta y relativa según la presencia o ausencia de los microorganismos detectados, con el propósito de realizar un análisis estadístico descriptivo. Además, se realizó la prueba estadística Chi-cuadrado, considerando un p valor $\leq 0,05$, como estadísticamente significativo. Finalmente, se utilizó el dendrograma para evaluar similitudes entre las granjas.

5.2.7 Consideraciones éticas

Se logró obtener el consentimiento informado de los propietarios de las granjas antes de proceder con la recolección de muestras de heces de los cerdos, informándoles sobre el objetivos y los métodos de la investigación. Además, se garantizó el bienestar animal durante la recolección de las muestras, evitando causar estrés y malestar a los cerdos

5. Resultados

Se analizaron 35 granjas porcinas de diversos cantones de la provincia de Zamora Chinchipe, identificándose un 74.29 %, que corresponde a granjas tradicionales. El balanceado es el alimento más utilizado en el 60% de las granjas. El 71.43% de las granjas, realizan la limpieza del silo más de 4 veces al año (Tabla 1).

De acuerdo con los datos obtenidos de la encuesta, los problemas gastrointestinales son las más frecuentes con el 28.57%, mientras que las enfermedades de la piel ocupan el segundo lugar con el 14,29%. Finalmente, los medicamentos de mayor uso son los antibióticos en un 45.72 %, seguidos por el uso combinado de vitaminas y antibióticos, que corresponden al 8.57% (Tabla 1).

Tabla 2. Características de granjas porcinas de Zamora Chinchipe

| <i>Característica</i> | N | % |
|---|----------|----------|
| Tipo de granja | | |
| Industrial | 9 | 25,71 |
| Tradicional | 26 | 74.29 |
| Alimento | | |
| Lavasa | 14 | 40 |
| Balanceado | 21 | 60 |
| Limpieza | | |
| < 4veces año | 10 | 28,57 |
| > 4veces año | 25 | 71,43 |
| Enfermedades | | |
| Gastrointestinal | 10 | 28,57 |
| Respiratorio | 3 | 8,57 |
| Reproductivo | 3 | 8,57 |
| Muerte súbita | 1 | 2,86 |
| Enfermedades de la piel | 5 | 14,29 |
| Ninguna | 13 | 37,14 |
| Medicamentos | | |
| Antibióticos | 8 | 22.86 |
| Antibióticos_Desparasitante | 2 | 5.71 |
| Antiinflamatorios_Vitaminas_Antibioticos_Hormonal | 1 | 2.86 |
| Desparasitantes_Vitaminas | 1 | 2.86 |
| Minerales_Antibioticos_Vitaminas_Cicatrizantes | 1 | 2.86 |
| Vitaminas_Antibioticos | 3 | 8.57 |
| Ninguno | 19 | 54.28 |

Se realizaron pools, obteniendo un total de 53 muestras, lo que resulto en un crecimiento absoluto en agar sangre y un 26.4% en agar sal manitol (Anexo 5).

En las granjas industriales se tomó en cuenta tres categorías: engorde, cerdas reproductoras y verracos.

Las principales bacterias identificadas fueron: *Bacillus spp.* (65.7%), *Micrococcus spp.* (57.1%) y en menor cantidad *Staphylococcus aureus*, *Estafilococos coagulasa negativa* y *Streptococcus spp* (Tabla 2).

Tabla 3. Bacterias aisladas en las granjas porcinas de la provincia de la Zamora Chinchipe

| Bacteria | Positivo | | Negativo | |
|--|----------|------|----------|------|
| | N | % | N | % |
| <i>Bacillus spp.</i> | | | | |
| Industrial | 9 | 25.7 | 0 | 0 |
| Tradicional | 14 | 40 | 12 | 34.3 |
| Total | 23 | 65.7 | 12 | 34.3 |
| <i>Micrococcus spp.</i> | | | | |
| Industrial | 6 | 17.1 | 3 | 8.6 |
| Tradicional | 14 | 40 | 12 | 34.3 |
| Total | 20 | 57.1 | 15 | 42.9 |
| <i>Staphylococcus aureus</i> | | | | |
| Industrial | 1 | 2.9 | 8 | 22.9 |
| Tradicional | 2 | 5.7 | 24 | 68.6 |
| Total | 3 | 8.6 | 32 | 91.4 |
| <i>Estafilococos coagulasa negativa</i> | | | | |
| Industrial | 4 | 11.4 | 5 | 14.4 |
| Tradicional | 4 | 11.4 | 22 | 62.9 |
| Total | 8 | 22.9 | 27 | 77.1 |
| <i>Streptococcus spp.</i> | | | | |
| Industrial | 0 | 0 | 9 | 25.7 |
| Tradicional | 1 | 2.9 | 25 | 71.4 |
| Total | 1 | 2.9 | 34 | 97.1 |

Los resultados indican que *Bacillus spp.* estuvo presente en el 100% de las granjas industriales. Asimismo, *Micrococcus spp.* se detectó en el 17.1% de las granjas, mientras que los *Estafilococos coagulasa negativa* fueron identificados en el 11.4% de las muestras analizadas. Por último, la presencia de *Staphylococcus aureus* fue la menos frecuente, registrándose únicamente en el 2.9 % de las granjas, (Tabla 2).

En las granjas tradicionales, *Bacillus spp.* se detectó en el 40% de las granjas, al igual que *Micrococcus spp.* Por su parte, los *Estafilococos coagulasa negativa*, se presenció en el 11.4%. En menor proporción, *Staphylococcus aureus*, fue identificado en el 5,7% de las granjas. Finalmente, *Streptococcus spp.* fue la bacteria con menor prevalencia, encontrándose en el 2.9% de las granjas. Es importante destacar que se encontró más de dos bacterias por granja (Tabla 2).

Bacillus spp se encontró en todas las categorías porcinas, al igual que *Micrococcus spp* y *Staphylococcus aureus*. En contraste, los *Estafilococos coagulasa negativa* fueron identificados únicamente en cerdos engorde y madres reproductoras (Tabla 3).

Tabla 4. Bacterias en las categorías porcinas

| Engorde | | |
|---|----------|----------|
| Bacterias | N | % |
| <i>Bacillus spp</i> | 6 | 54,54 |
| <i>Micrococcus spp</i> | 2 | 18.18 |
| <i>Staphylococcus aureus</i> | 1 | 9.1 |
| <i>Estafilococos coagulasa negativa</i> | 2 | 18.18 |
| Total | 11 | 100 |
| Madres | | |
| Bacterias | N | % |
| <i>Bacillus spp</i> | 8 | 57.14 |
| <i>Micrococcus spp</i> | 3 | 21.42 |
| <i>Staphylococcus aureus</i> | 1 | 7,14 |
| <i>Estafilococos coagulasa negativa</i> | 2 | 14.28 |
| Total | 14 | 100 |
| Verracos | | |
| Bacterias | N | % |
| <i>Bacillus spp</i> | 6 | 54.54 |
| <i>Micrococcus spp</i> | 4 | 36.36 |
| <i>Staphylococcus aureus</i> | 1 | 9.1 |
| Total | 11 | 100 |

En el análisis el recuento de *Lactobacillus spp.* se obtuvo un valor promedio de 10^{12} UFC/ml en las diluciones: 10^{-9} UFC/ml y 10^{-10} UFC/ml. A diferencia de las cerdas reproductoras cuyos valores van desde $7.21 \cdot 10^{11}$ a $2.48 \cdot 10^{12}$, a diferencia de las otras categorías, como se detalla en la Tabla 4.

Tabla 5. Recuento de *Lactobacillus spp*

| Categorías | 10^{-9} UFC/ml | 10^{-10} UFC/ml |
|-------------------------------------|------------------------------------|-------------------------------------|
| <i>Granjas tradicionales</i> | $1.15 \cdot 10^{12}$ | $6.08 \cdot 10^{12}$ |
| <i>Granjas Industriales</i> | Engorde | $1.47 \cdot 10^{12}$ |
| | Madres | $7.21 \cdot 10^{11}$ |
| | Verracos | $1.18 \cdot 10^{12}$ |

Se efectuó el análisis de asociación centrado en la presencia de *Bacillus spp* y las variables consideradas, donde se obtuvo un p valor de 0,012, que es estadísticamente significativo, el cual está relacionado con el sistema de crianza y la presencia del microorganismo (Tabla 5).

Tabla 6. Chi-cuadrado de *Bacillus spp*

| Características | <i>Bacillus spp</i> | | P |
|---|---------------------|-------------------|-------|
| | Presencia N (%) | Ausencia N (%) | |
| Sistema de crianza | | | |
| Industrial | 9 (100) | 0 (0) | 0.012 |
| Tradicional | 14 (53.8) | 12 (46.2) | |
| Alimentación | | | |
| Lavasa | 9 (64.3) | 5 (35.7) | 0.884 |
| Balanceado | 14 (66.7) | 7 (33.3) | |
| Limpieza | | | |
| < 4veces año | 5 (50) | 5 (50) | 0.215 |
| > 4veces año | 18 (72) | 7 (28) | |
| Enfermedades | | | |
| Gastrointestinal | 6 (60) | 4 (40) | 0.583 |
| Respiratorio | 3 (100) | 0 (0) | |
| Reproductivo | 2 (66.7) | 1 (33.3) | |
| Muerte súbita | 0 (0) | 1 (100) | |
| Enfermedades de la piel | 3 (60) | 2 (40) | |
| Ninguna | 9 (69.2) | 4 (30.8) | |
| Medicamentos | | | |
| Antibióticos | 7 (87.5) | 1 (12.5) | 0.309 |
| Antibióticos_Desparasitante | 2 (100) | 0 (0) | |
| Antiinflamatorios_Vitaminas_Antibioticos_Hormonal | 1 (100) | 0 (0) | |
| Desparasitantes_Vitaminas | 1 (100) | 0 (0) | |
| Minerales_Antibioticos_Vitaminas_Cicatrizantes | 1 (100) | 0 (0) | |
| Vitaminas_Antibioticos | 1 (33.3) | 2 (66.7) | |
| Ninguno | 10 (52.6) | 9 (47.4) | |

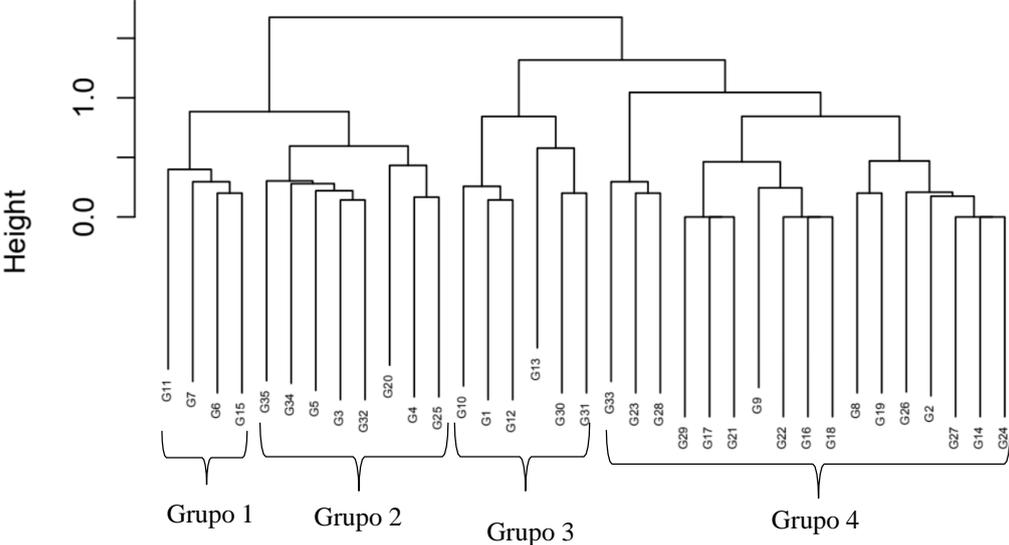
Se llevó a cabo la prueba estadística de chi-cuadrado para determinar la presencia de otros organismos, sin obtener un valor significativo.

En el análisis del dendrograma, el primer grupo presenta características similares al sistema de crianza tradicional, utilizando alimento balanceado y realizando limpieza frecuente en el silo. Este grupo reporta principalmente enfermedades respiratorias y reproductivas, además de tener una alta presencia de *Bacillus spp* y *Micrococcus spp*. En contraste, el segundo grupo incluye granjas insdustriales que administra lavaza, limpian con menor frecuencia y muestran una menor incidencia de enfermedades gastrointestinales, destacándose la ausencia de microorganismos.

El tercer grupo muestra una mezcla de características entre los sistemas de crianza, con variabilidad en la limpieza y una mayor diversidad de enfermedades (respiratorias, reproductivas y muerte súbita) junto con el uso combinado de medicamentos (vitaminas, desparasitantes y cicatrizantes). Por último, el cuarto grupo está formado principalmente por granjas tradicionales, que utilizan alimento balanceado y realizan limpiezas frecuentes del

silo, reportando enfermedades de la piel, la administración de medicamentos (vitaminas y minerales) y la presencia de *Staphylococcus aureus* y *Streptococcus spp.* (Figura 2).

Figura 2. Dendrograma



6. Discusión

La microbiota digestiva de los animales no es estable durante toda su vida, sino que evoluciona hasta alcanzar un equilibrio en la etapa adulta (Odamaki et al., 2016). En los cerdos, gran parte de la microbiota intestinal proviene de la madre y del entorno en los primeros días de vida (Miranda, 2018).

La colonización del tracto gastrointestinal se divide en tres fases; la primera inicia en el nacer y termina al final de la primera semana de vida. La segunda etapa comprende desde el final de la primera semana hasta el final de la fase de lactancia y la última etapa arranca en el instante del destete (Miranda, 2018). En esta última etapa, el destete introduce factores estresantes como la separación de la madre, el cambio de entorno y la transición abrupta de una dieta láctea a una sólida, lo cual afecta la composición de la microbiota, acercándose cada vez más a la de los cerdos adultos.

El sistema de crianza podría estar relacionado con la composición de la microbiota, ya que las granjas familiares suelen emplear prácticas de manejo tradicional. Según el INEC (2021), el 85% de la producción total de cerdo proviene de las granjas familiares, mientras que el 15% procede de las granjas industriales. Esto concuerda con los datos obtenidos, donde las granjas familiares o tradicionales representaron el 74.29 %, superando a las granjas industriales, que abarcaron el 25,7 %.

Los cerdos pueden ser portadores de patógenos como *C. perfringens* y *S. aureus*. Cuya prevalencia varía según las granjas y lotes, siendo la bioseguridad un factor determinante en la contaminación (Fosse et al., 2010). Además, una gestión inadecuada de las granjas porcinas puede exponer a los porcicultores a diversas enfermedades debido a prácticas deficientes de bioseguridad y manejo (Wang & Hu, 2023). Estos patógenos no solo impactan la sanidad animal, sino que también constituye un riesgo para la seguridad alimentaria, especialmente en Ecuador, donde el consumo per cápita de carne de cerdo es de 11 kg por persona y continua en ascenso (ASPE, 2022).

Entre las bacterias Gram positivas que alteran la microbiota se encuentra *Clostridium perfringens* tipo A y C, que afectan a lechones entre 1 a 5 días, ocasionando enfermedades entéricas (Songer & Uzal, 2005).

Ciertas especies de *Bacillus spp*, han sido implicadas en problemas sanitarios en cerdos. Por ejemplo, *Bacillus cereus* ha sido responsable de brotes relacionados con el alimento que resultó con una alta mortalidad (Calvigioni et al., 2022). Además, *Bacillus*

icteroides, según un estudio, se ha relacionado con el complejo del cólera porcino y puede provocar infecciones fatales en cerdos, acompañadas de lesiones diftéricas, necróticas y ulcerativas en el tracto digestivo (Reed & Carroll, 1900).

Bacillus spp. fue el género más frecuentemente aislado en un 65.7% en las diferentes categorías de producción. Varios estudios han enfatizado su rol beneficioso como parte de la microbiota intestinal de los cerdos, ya que se asocia con mejoras en el crecimiento y la salud general de los animales (He et al., 2020; Mun et al., 2021). Además, la capacidad de ciertas cepas de *Bacillus spp.* para modular la respuesta inmune, reducir la inflamación y fortalecer la salud intestinal (He et al., 2019).

Wu et al. (2023), encontraron que cepas específicas como *Bacillus subtilis*, BS21, tienen propiedades antimicrobianas contra patógenos como *E. coli*, *Salmonella enterica* y *Staphylococcus aureus*. En la producción porcina, *Bacillus spp.* se utiliza como suplemento probiótico en distintas etapas, desde el destete hasta el engorde, mostrando ventajas como una mayor diversidad microbiana, mejora en la conversión alimentaria y aumento de la ganancia diaria promedio (Fu et al., 2019; González et al., 2022). En la reproducción y lactancia Mazur-Kuśnirek et al. (2023), reportaron beneficios adicionales, como mayor ingesta de alimento, menor pérdida de peso en cerdas.

En este estudio dicha alimentación posterior al destete en los cerdos es comúnmente lavasa y balanceado, como lo menciona Agrocalidad (2021) en su manual de procedimientos para la certificación de granjas de ganado porcino, donde señala que la dieta de los cerdos en el sistema de crianza familiar es a base de desperdicios de cocina y compras, mientras tanto, en el sistema comercial la alimentación se la adquiere.

Sutera et al. (2023), propone que la incorporación de lavaza a la dieta puede alterar la diversidad microbiana en el intestino de los cerdos. En su estudio revela que la suplementación con suero de leche trae consigo diferencias significativas en la abundancia de varios géneros bacterianos. Esto indica que la lavasa puede influir en la composición de ciertas partes de la comunidad bacteriana a lo largo del tiempo.

Por el contrario, la alimentación con desperdicios de cocina conlleva riesgos microbianos significativos, incluidos virus y bacterias, que, aunque pueden reducirse mediante tratamientos como el calentamiento, no se eliminaran por completo. Históricamente, esta práctica ha estado vinculada a la propagación de enfermedades, como el brote de fiebre

aftosa en 2001, causado por residuos de cocina contaminados (BCVA, 2017; Dame-Korevaar et al., 2021).

Wang et al. (2019), señala que *Firmicutes* es uno de los filos más predominantes en el microbioma intestinal de los cerdos durante las etapas de crecimiento y engorde, siendo relacionado con una mayor eficiencia en la conversión de alimentos y el aumento de peso. Asimismo, Greiner et al. (2022) y Luque et al. (2021), observan que las cerdas reproductoras presentan una diversidad considerable de bacterias Gram positivas, especialmente de los géneros como *Lactobacillus*, *Bacillus*, *Enterococcus* y *Clostridium*. En cambio, la microbiota fecal de los verracos esta predominantemente compuesta por *Lactobacillus spp.* y cocos gram positivos (Li et al., 2020; Moore et al., 1987).

En este contexto, la mayoría de bacterias aisladas en la esta investigación pertenecen a los filos *Firmicutes*, en la cual se identifican los géneros *Bacillus spp.* (65.7%), *Staphylococcus aureus* (8.6%), *Estafilococos coagulasa negativa* (22.9%) y *Streptococcus spp.* (2.9%). Por su parte, en el filo *Actinomycetota* destaco el género *Micrococcus spp.* (57.1%).

Se obtuvo p valor representativo estadísticamente de 0.012, en la asociación de *Bacillus spp* con el sistema de crianza, esta relación se puede dar ya que, en muchas granjas tradicionales, los propietarios indicaron que la dieta administrada anteriormente es a base de lavasa, y que recientemente incluyeron balanceado a la dieta, esto con el fin de mejorar el rendimiento de los cerdos. En este contexto, Fu et al. (2019) y González et al. (2022), señalan que la inclusión de la bacteria como probiotico en la dieta, aumenta la ganancia de peso y mejora la conversión alimentaria. Además, otro punto relevante en esta asociación es el manejo de las granjas, según Tacke et al., (2018), las granjas tradicionales a menudo presentan un menor nivel de seguridad, lo que podría favorecer la colonización de bacterias Gram positivas.

Micrococcus spp. se aisló en un 57.1% del total de bacterias encontradas. Este microorganismo forma parte natural de la microbiota, lo que fue determinado mediante métodos avanzados de secuenciación y cultivo bacteriano (Dowd et al., 2008; Wylensek et al., 2020).

Gao et al. (2019) observaron la presencia de esta bacteria en muestras del yeyuno, de cerdos negros de Shanxi con 25 días de edad (B25), lo que evidencia su participación en ecosistemas intestinales dinámicos influenciados por la dieta y la etapa de desarrollo del

huésped. De manera similar, Wilssens y Castele (1967), reportaron *Micrococcus spp.* en muestras de heces de cerdos adultos, indicando que esta bacteria persiste en diferentes etapas de la vida del animal.

Los resultados obtenidos en este estudio coinciden con la información previa, ya que confirman la capacidad de *Micrococcus spp.* para adaptarse a diversas condiciones de producción. Según Martínez et al., (2021), la presencia de la bacteria refleja la calidad de bioseguridad, por ello, la mayor prevalencia de esta bacteria en granjas tradicionales podría estar asociada a factores como el manejo más artesanal y una menor rigurosidad en las medidas de bioseguridad, en comparación con las granjas industriales.

Staphylococcus aureus, es frecuente en las granjas porcinas y puede transmitirse a los trabajadores, causando problemas médicos y de higiene. La contaminación aérea por *S. aureus*, incluyendo cepas resistentes a la meticilina (MRSA), es un riesgo ocupacional importante para los trabajadores de granjas porcinas (Masclaux et al., 2013). Esta bacteria forma parte integral de la microbiota intestinal de los porcinos, siendo capaz de colonizar y persistir en estos animales de manera natural. Yan et al. (2013), reportaron que el 33.9% de los cerdos muestreados en mataderos del noreste de China estaban colonizados por *S. aureus*, incluyendo cepas susceptibles y resistentes a la meticilina (MSSA y MRSA).

La prevalencia de *S. aureus*, en especial de cepas resistentes a la meticilina (MRSA), varía significativamente dependiendo de la edad de los cerdos y las condiciones de producción. Moon et al. (2018) y Zhu et al. (2023) observaron que la prevalencia era mayor en lechones destetados (17.3%) y menor en cerdos de engorde (4.4%), sugiriendo que las etapas iniciales de producción son más vulnerables a la colonización debido a factores como la inmadurez del sistema inmune y el estrés asociado al destete. Los resultados de este estudio son similares, registrando una prevalencia del 9.1% en cerdos de engorde.

El uso de antibióticos es un factor clave en la selección y persistencia de cepas resistentes de *S. aureus*. De Neeling et al., (2007) informaron que todas las cepas de MRSA aisladas en los Países Bajos eran resistentes a la tetraciclina, reflejando su uso predominante en la producción porcina. Asimismo, Yan et al. (2013) y Beier et al. (2021) documentaron altos niveles de resistencia a eritromicina, penicilina y tetraciclina en cepas de MSSA y MRSA, con más del 82.7% de las cepas MSSA mostrando resistencia a seis o más antibióticos.

Los resultados de este estudio revelan una distribución limitada de *Staphylococcus aureus* con un 8.6% de las granjas analizadas, detectándose únicamente en tres granjas ubicadas en el cantón Yantzaza. La baja detección de esta bacteria podría estar vinculada a ciertas prácticas en las granjas afectadas como el uso excesivo o inapropiado de antibióticos, que representa el 45.72%. Estos medicamentos son los más empelados en las granjas porcinas de la provincia, promoviendo así la selección de cepas resistentes y su persistencia en el ambiente.

Los *Estafilococos coagulasa negativa (CoNS)* forman parte de la microbiota normal de los cerdos y su entorno, siendo detectados en animales sanos, en productos derivados del cerdo y en el ambiente de las granjas (Schoenfelder et al., 2016; Lee & Yang, 2021; Abdullahi et al., 2023). Estos microorganismos comensales se encuentran ampliamente distribuidos en entornos agrícolas, prosperando en condiciones ambientales donde el estiércol y el polvo proporcionan nichos ecológicos favorables para su diseminación (Schoenfelder et al., 2016).

Un factor clave en la dispersión de los *CoNS* es el papel de las moscas domésticas, que suelen estar en contacto con animales, alimentos y desechos. Estas moscas actúan como vectores al transportar y dispersar *CoNS* tanto dentro como fuera de las instalaciones de las granjas, incrementando su prevalencia en áreas con deficiencias en las prácticas de higiene (Bertelloni et al., 2023). En este estudio, se identificó un 22.9% de *CoNS*, lo cual podría estar asociado con sistemas de manejo menos intensivos y mayores deficiencias en higiene. Factores como la acumulación de estiércol no tratado y la proliferación de moscas en las granjas tradicionales, contribuyen a la dispersión de *CoNS*, quienes a la vez son vectores de la bacteria en el ambiente.

La literatura científica apoya a la relevancia de *Streptococcus spp.* en las diferentes etapas de producción porcina. Se ha documentado su presencia en las amígdalas durante las fases de post- destete, crecimiento, engorde y en cerdas reproductoras, así como en el tracto gastrointestinal, donde predominan especies como *Streptococcus intestinalis*, *S. alactolyticus* y *S. hyointestinalis* (Robinson et al., 1988; Devriese et al., 1994; Luque et al., 2009; Sigurdarson et al., 2023). En cerdos tibetanos y en híbridos de tres razas, la abundancia de *Streptococcus* incrementa con la edad y el peso corporal, alcanzando niveles significativos alrededor de los 100 días de vida (Chang et al., 2022; Long et al., 2022).

A medida que los cerdos crecen, la composición de su microbiota intestinal cambia. Por ejemplo, *Streptococcus suis*, aumenta significativamente en el estómago, yeyuno e íleon de los lechones post-destete, mientras que la proporción de *Lactobacillus spp* tiende a disminuir. Este cambio se atribuye a la disminución de la barrera defensiva gástrica en esta etapa (Su et al., 2008). El estrés, otro factor relevante, también ha sido asociado con la translocación intestinal de *S. suis* (Swildens et al., 2004).

En este contexto, la detección de *Streptococcus spp.* en una granja tradicional (8.6%) del cantón Yantzaza, podría estar relacionada con el estudio de Chang et al., (2022), indica *Streptococcus spp.* es dominante en diferentes etapas de crecimiento, especialmente a los 100 días de edad. Esto sugiere que la detección en las muestras podría deberse a la convivencia de animales de diferentes edades, incluyendo cerdos de engorde que aún se encontraban en fase de crecimiento, lo que evidencia características propias del sistema tradicional.

Los *Lactobacillus spp* están presentes en la microbiota intestinal de los cerdos desde las primeras horas después de su nacimiento. Estudios han identificado su presencia en las heces de lechones recién nacidos tan pronto como 4 horas después del nacimiento y permanecen como parte integral de la microbiota a lo largo de la vida (Muralidhara et al., 1977; Angelis et al; 2006).

El conteo promedio de *Lactobacillus spp*, se registró fue de 10^{12} UFC/ml, en todas las fases productivas de los cerdos, excepto en las cerdas reproductoras, donde el promedio fue de 10^{11} UFC/ml. Los resultados son similares a los reportados por Miranda (2018), quien describe que las concentraciones en el intestino grueso alcanzan valores de 10^{11} a 10^{12} UFC/ml, a diferencia de otras secciones del intestino, donde las concentraciones varían.

Según Miranda (2018), las concentraciones elevadas en el intestino grueso se explican por ser un entorno más estable y favorable para el crecimiento bacteriano. Factores como un tránsito intestinal más lento, un pH cercano a la neutralidad, condiciones anaerobias y una mayor disponibilidad de nutrientes favorecen su proliferación, permitiendo alcanzar niveles de 10^{11} a 10^{12} UFC/ml.

En el análisis del dendrograma, el primer grupo muestra similitud con el sistema de crianza tradicional, caracterizándose por el uso de alimento balanceado, limpiezas frecuentes del silo y la presencia de enfermedades (respiratorias y reproductivas), junto con una alta detección *Bacillus spp* y *Micrococcus spp*. En contraste, con el segundo grupo, incluye

granjas industriales, administrar lavaza, menor frecuencia de limpieza, enfermedades (gastrointestinales), uso combinado de antibióticos y vitaminas. El tercer grupo presenta similitudes mixtas entre los sistemas de crianza, variabilidad en la limpieza, mayor diversidad de enfermedades (respiratorias, reproductivas y muerte súbita), y el uso combinado de medicamentos (vitaminas, desparasitantes y cicatrizantes).

En el cuarto grupo predominan las granjas tradicionales, alimento (balanceado), limpieza frecuente del silo, reportan enfermedades de la piel, medicamentos (vitaminas y minerales) y presencia de *Staphylococcus aureus* y *Streptococcus spp.*

Las bacterias aisladas forman parte de la microbiota intestinal de los cerdos, aunque la presencia de los microorganismos está influenciada por factores como la raza, dieta, edad y el estado de salud del animal (Mach, 2015; Han, 2018). Gonzalez et al., (2022), *Bacillus spp* puede encontrarse en el alimento de los cerdos, donde se utiliza como probiotico para optimizar el crecimiento y la salud intestinal. Mientras que *Micrococcus spp* está más relacionado con el nivel de bioseguridad de las granjas (Martinez et al., 2021). Gao et al., (2018) y Ma et al., (2021), señalan que el uso de antibióticos, reduce la diversidad microbiana intestinal, lo que puede llevar a un desequilibrio en la microbiota.

Si bien estas bacterias pueden desempeñar un papel beneficioso, su crecimiento descontrolado puede volverse patógeno. Factores como la edad, la alimentación, el estrés, las condiciones higiénicas y el entorno pueden influir en su proliferación, afectando tanto el rendimiento como la salud de los cerdos.

7. Conclusiones

- Se logró identificar dos filos: *Firmicutes* y *Actinomycetota*. Dentro *Firmicutes* se detectaron bacterias pertenecientes a los géneros *Bacillus spp*, *Staphylococcus aureus*, *Estafilococos coagulasa negativa* y *Streptococcus spp*. Por otro lado, en el filo *Actinomycetota* se identificó la presencia de *Micrococcus spp*. Estos microorganismos forman parte de la microbiota normal del cerdo.
- En el análisis de *Lactobacillus spp* en las diferentes categorías porcinas, se obtuvo un promedio de 10^{12} UFC/ml, en todas las fases productivas de los cerdos, excepto en las cerdas reproductoras, donde el promedio fue de 10^{11} UFC/ml. Mostrando recuentos similares a los valores normales encontrados en la literatura.
- Se obtuvo p valor significativo de 0.012, en el aislamiento de *Bacillus spp* con el sistema de crianza. Según los datos, la bacteria se encuentra distribuida en el alimento, utilizada como probiotico.
- La edad, el sistema de crianza, la alimentación, el estrés, la higiene y el ambiente, son factores que afectan en la composición de la microbiota de los cerdos.

8. Recomendaciones

- Implementar protocolos de higiene y capacitación para los productores sobre el manejo de los sistemas de crianza y limpieza de instalaciones.
- Incentivar prácticas que reduzcan el impacto ambiental, como el manejo adecuado del estiércol y el control de vectores, para mantener el equilibrio.
- Establecer protocolos de administración, esquema de vacunación y desparasitación bajo la supervisión de un Médico Veterinario, con el objetivo de asegurar la salud animal y reducir el riesgo de desarrollar resistencia antimicrobiana.
- Implementar análisis microbiológicos periódicos en granjas para identificar y controlar oportunamente la proliferación de patógenos.

9. Bibliografía

- Abunna, F., Adugna, B., Tufa, T. B., Ayana, D., Gutema, F. D., Waktole, H., Regassa, F., & Abdi, R. D. (2022). Detection and Antimicrobial Resistance of Staphylococcus Species from Chicken, Chicken Litter, and Humans in Addis Ababa, Ethiopia. *Veterinary Medicine International*, 2022, 1–8. <https://doi.org/10.1155/2022/9084334>
- Abdullahi, I. N., Lozano, C., Simón, C., Zarazaga, M., & Torres, C. (2023). Within-Host Diversity of Coagulase-Negative Staphylococci Resistome from Healthy Pigs and Pig Farmers, with the Detection of cfr-Carrying Strains and MDR-S. borealis. *Antibiotics*, 12(10), 1505. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12101505>
- Amán Luna, Karol Mishelle. (2024). Valoración de probiótico (lactotech) en el rendimiento productivo de cerdos en la etapa de finalización en la granja Novapork. Escuela Superior Politécnica de Chimborazo. Riobamba.
- Andino-Molina, M., & Quesada-Gómez, C. (2022). Clostridioides (Clostridium) difficile en porcinos: caracterización, consideraciones epidemiológicas y resistencia a los antimicrobianos. *Veterinaria* (Montevideo), 58(217). http://www.scielo.edu.uy/scielo.php?pid=S1688-48092022000101301&script=sci_arttext
- Agencia de Regulación y Control Fito y Zoosanitario (2021). Manual de procedimientos para la certificación de granjas de ganado porcino. <https://www.agrocalidad.gob.ec/wp-content/uploads/2021/11/DAJ-2021454-0201.0228-registro-granjas-20211.pdf>
- ASPE. (2022). Sector porcicola del Ecuador en cifras. Obtenido de <https://aspe.org.ec/estadisticas/>
- ASPE. (2017). Importancia Económica De La Porcicultura Valor Bruto De La Produccion. <https://aspe.org.ec/estadisticas/>
- Arruda, P., y Arruda, B. (2021). Descripción general de los factores de riesgo asociados a la infección por C. difficile en cerdos. *Suis*, (179), 26-28.
- BCVA promotes responsible use of antimicrobials. (2017). *Veterinary Record*, 180(3), 58. <https://doi.org/10.1136/vr.j129>
- Begum, S. M. S., Azeez, A., & Kavitha, K. (2023). Isolation, identification and

characterization of poultry associated bacterial pathogens. UTTAR PRADESH JOURNAL OF ZOOLOGY, 44(14), 35–41.
<https://doi.org/10.56557/upjz/2023/v44i143556>

- Beier, R., Andrews, K., Hume, M., Sohail, M., Harvey, R., Poole, T., Crippen, T., & Anderson, R. (2021). Disinfectant and Antimicrobial Susceptibility Studies of *Staphylococcus aureus* Strains and ST398-MRSA and ST5-MRSA Strains from Swine Mandibular Lymph Node Tissue, Commercial Pork Sausage Meat and Swine Feces. *Microorganisms*, 9(11), 2401. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9112401>
- Bertelloni, F., Cagnoli, G., Bresciani, F., Scotti, B., Lazzerini, L., Marcucci, M., Colombani, G., & Ebani, V. V. (2023). Antimicrobial Resistant Coagulase-Negative Staphylococci Carried by House Flies (*Musca domestica*) Captured in Swine and Poultry Farms. *Antibiotics*, 12(4), 636. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12040636>
- Brestoff, JR y Artis, D. (2013). Bacterias comensales en la interfaz entre el metabolismo del huésped y el sistema inmunológico. *Nature immunology*, 14 (7), 676-684.
- Bolibrukh, M. y Rublenko, I. (2023). Influencia de Factores sobre la microbiota gastrointestinal del Cerdo. *Revista Ucraniana de Ciencias Veterinarias y Agrícolas*. <https://doi.org/10.32718/ujvas6-1.11>.
- Cabrera, J.J., Moreno, E., Miranda, C., Pérez, M.D. (2010). Endocarditis por *Lactobacillus casei/paracasei*. *Carta científica*. Vol. 28. Núm. 7. Págs 474-475
- Casas Anguita, J, Labrador, R., & Campos, D. (2003). La encuesta como técnica de investigación. *Elaboración de cuestionarios y tratamiento estadístico de los datos (I)*. <https://www.elsevier.es/es-revista-atencion-primaria-27-articulo-la-encuesta-como-tecnica-investigacion-elaboracion-cuestionarios-13047738>
- Calvigioni, M., Cara, A., Celandroni, F., Mazzantini, D., Panattoni, A., Tirloni, E., Bernardi, C., Pinotti, L., Stella, S., & Ghelardi, E. (2022). Characterization of a *Bacillus cereus* strain associated with a large feed-related outbreak of severe infection in pigs. *Journal of Applied Microbiology*, 133(2), 1078–1088. <https://doi.org/10.1111/jam.15636>
- Chang, Z., Bo, S., Xiao, Q., Wang, Y., Wu, X., He, Y., Iqbal, M., Ye, Y., & Shang, P. (2022). Remodeling of the microbiota improves the environmental adaptability and disease resistance in Tibetan pigs. *Frontiers in Microbiology*, 13.

<https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1055146>

- Conway, P. L. (1997). Development of intestinal microbiota. *Gastrointestinal microbiology*, 2, 3-38.
- Cutting, SM (2011). Bacillus probióticos. *Microbiología de los alimentos*, 28 (2), 214-220.
- Cho, J. H., Zhao, P. Y., & Kim, I. H. (2011). Probiotics as a dietary additive for pigs: a review.
- Dame-Korevaar, A., Boumans, I. J., Antonis, A. F., Van Klink, E., & De Olde, E. M. (2021). Microbial health hazards of recycling food waste as animal feed. *Future Foods*, 4, 100062. <https://doi.org/10.1016/j.fufo.2021.100062>
- Delgado, S. (2005). Microbiótica intestinal humana: análisis y evolución de poblaciones representativas e identificación de bacterias probióticas. <https://digital.csic.es/handle/10261/5220>
- De Neeling, A., Van Den Broek, M., Spalburg, E., Van Santen-Verheuevel, M., Dam-Deisz, W., Boshuizen, H., Van De Giessen, A., Van Duijkeren, E., & Huijsdens, X. (2007). High prevalence of methicillin resistant *Staphylococcus aureus* in pigs. *Veterinary Microbiology*, 122(3-4), 366-372. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2007.01.027>
- Devriese, L., Hommez, J., Pot, B., & Haesebrouck, F. (1994). Identification and composition of the streptococcal and enterococcal flora of tonsils, intestines and faeces of pigs. *Journal of Applied Bacteriology*, 77(1), 31-36. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.1994.tb03040.x>
- Downes, J., Munson, MA, Spratt, DA, Kononen, E., Tarkka, E., Jousimies-Somer, H., y Wade, WG (2001). Caracterización de cepas similares a *Eubacterium* aisladas de infecciones orales. *Journal of medical microbiology*, 50 (11), 947-951.
- 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 WeanedSalmonella-Infected pigs. *Foodborne Pathogens and Disease*, 5(4), 459-472. <https://doi.org/10.1089/fpd.2008.0107>
- Dong, W., Ricker, N., Holman, D. B., & Johnson, T. A. (2023). Meta-analysis reveals the predictable dynamic development of the gut microbiota in commercial pigs.

Microbiology Spectrum, 11(6). <https://doi.org/10.1128/spectrum.01722-23>

- 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.
- Emmanuel-Akerele, H., & Adamolekun, P. (2021). Microbiological assessment of poultry droppings, water and soil under deep litter (DL) and battery cage (BL) systems within Lagos, Nigeria. *Malaysian Journal of Applied Sciences*, 6(1), 80–98. <https://doi.org/10.37231/myjas.2021.6.1.279>
- Fernandez, A., Garcia, C., Saenz, J., & Velarde, S. (2010). Procedimiento en Microbiología Clínica, Método de Identificación Bacteriana en el Laboratorio de Microbiología, Ed. Seimc, Cercenado G., Cartón R.
- Figueiredo Marques, G., Augusto Pompei, J. C., & Martini, M. (2017). Manual veterinario de toma y envío de muestras 2017. Cooperación Técnica MAPA/OPS/PANAFTOSA para el Fortalecimiento de los Programas de Salud Animal de Brasil. Rio de Janeiro: PANAFTOSA-OPS/OMS.
- Fouhse, J., Zijlstra, R. y Willing, B. (2016). El papel de la microbiota intestinal en la salud y la enfermedad de los cerdos. *Fronteras Animales*, 6, 30-36. <https://doi.org/10.2527/AF.2016-0031>.
- Fosse, J., Laroche, M., Oudot, N., Seegers, H., & Magras, C. (2010). On-farm multi-contamination of pigs by food-borne bacterial zoonotic hazards: An exploratory study. *Veterinary Microbiology*, 147(1–2), 209–213. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2010.06.013>
- Gaggìa, F., Mattarelli, P., & Biavati, B. (2010). Probiotics and prebiotics in animal feeding for safe food production. *International journal of food microbiology*, 141, S15-S28.
- Gao, P., Liu, Y., Le, B., Qin, B., Liu, M., Zhao, Y., Guo, X., Cao, G., Liu, J., Li, B., & Duan, Z. (2019). A comparison of dynamic distributions of intestinal microbiota between Large White and Chinese Shanxi Black pigs. *Archives of Microbiology*, 201(3), 357–367. <https://doi.org/10.1007/s00203-019-01620-4>
- Giraldo-Carmona, J., Narváez-Solarte, W., & Díaz-López, E. (2015). Probióticos en cerdos:

- resultados contradictorios. *Biosalud*, 14(1), 81-90.
- Górska A., Przystupski D., Niemczura M. J. & Kulbacka J. (2019). Probiotic bacteria: A promising tool in cancer prevention and therapy. *Current Microbiology*, 76, 939–949. <https://doi.org/10.1007/s00284-019-01679-8>
- 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.
- Espinoza Toapanta, D. I. (2012). Proyecto de factibilidad para la creación de una empresa dedicada a la crianza, engorde y faenamiento de cerdos en la parroquia de Pifo.
- Fernandez, A., Garcia, C., Saenz, J., & Velarde, S. (2010). Procedimiento en Microbiología Clínica, Método de Identificación Bacteriana en el Laboratorio de Microbiología, Ed. Seimc, Cercenado G., Cartón R.
- Figueiredo Marques, G., Augusto Pompei, J. C., & Martini, M. (2017). Manual veterinario de toma y envío de muestras 2017. Cooperación Técnica MAPA/OPS/PANAFTOSA para el Fortalecimiento de los Programas de Salud Animal de Brasil. Rio de Janeiro: PANAFTOSA-OPS/OMS.
- Fouhse, J., Zijlstra, R. y Willing, B. (2016). El papel de la microbiota intestinal en la salud y la enfermedad de los cerdos. *Fronteras Animales*, 6, 30-36. <https://doi.org/10.2527/AF.2016-0031>.
- Fosse, J., Laroche, M., Oudot, N., Seegers, H., & Magras, C. (2010). On-farm multi-contamination of pigs by food-borne bacterial zoonotic hazards: An exploratory study. *Veterinary Microbiology*, 147(1–2), 209–213. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2010.06.013>
- Fu, R., Chen, D., Tian, G., Zheng, P., Mao, X., Yu, J., He, J., Huang, Z., Luo, Y., & Yu, B. (2019). Effect of dietary supplementation of *Bacillus coagulans* or yeast hydrolysates on growth performance, antioxidant activity, cytokines and intestinal microflora of growing-finishing pigs. *Animal Nutrition*, 5(4), 366–372. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2019.06.003>
- Gaggia, F., Mattarelli, P., & Biavati, B. (2010). Probiotics and prebiotics in animal feeding

- for safe food production. *International journal of food microbiology*, 141, S15-S28.
- Giraldo-Carmona, J., Narváez-Solarte, W., & Díaz-López, E. (2015). Probióticos en cerdos: resultados contradictorios. *Biosalud*, 14(1), 81-90.
- Gainor, K., Fortuna, Y. C., Alakkaparambil, A. S., González, W., Malik, Y. S., & Ghosh, S. (2023). Detection and Complete Genomic Analysis of Porcine circovirus 3 (PCV3) in Diarrheic Pigs from the Dominican Republic: First Report on PCV3 from the Caribbean Region. *Pathogens*, 12(2), 250. <https://doi.org/10.3390/pathogens12020250>
- Gao, K., Pi, Y., Peng, Y., Mu, C. y Zhu, W. (2018). Respuestas en el transcurso del tiempo de la microbiota ileal y fecal y perfiles de metabolitos a los antibióticos en cerdos canulados. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 102, 2289-2299. <https://doi.org/10.1007/s00253-018-8774-2>.
- Górska A., Przystupski D., Niemczura M. J. & Kulbacka J. (2019). Probiotic bacteria: A promising tool in cancer prevention and therapy. *Current Microbiology*, 76, 939–949. <https://doi.org/10.1007/s00284-019-01679-8>
- Gómez-Gascón, L. (2013). Búsqueda de candidatos proteicos para el desarrollo de vacunas frente a las infecciones por streptococcus suis en cerdos.
- Gonzalez-Ronquillo, M., Villegas-Estrada, D., Robles-Jimenez, L. E., Herrera, R. a. G., Villegas-Vázquez, V. L., & Vargas-Bello-Pérez, E. (2022). Effect of the Inclusion of Bacillus spp. in Growing–Finishing Pigs’ Diets: A Meta-Analysis. *Animals*, 12(17), 2269. <https://doi.org/10.3390/ani12172269>
- Greiner, L. L., Humphrey, D. C., Holland, S. N., Anderson, C. J., & Schmitz-Esser, S. (2022). The validation of the existence of the entero-mammary pathway and the assessment of the differences of the pathway between first and third parity sows. *Translational Animal Science*, 6(2). <https://doi.org/10.1093/tas/txac047>
- He, Y., Kim, K., Jinno, C., Wu, Z., Whelan, R., Doranalli, K., & Liu, Y. (2019). 131 Effects of Bacillus spp. probiotics on systemic immunity and intestinal health of weaned pigs experimentally infected with an enterotoxigenic Escherichia coli. *Journal of Animal Science*, 97(Supplement_2), 74–75. <https://doi.org/10.1093/jas/skz122.137>
- He, Y., Jinno, C., Kim, K., Wu, Z., Tan, B., Li, X., Whelan, R., & Liu, Y. (2020). Dietary

- Bacillus spp. enhanced growth and disease resistance of weaned pigs by modulating intestinal microbiota and systemic immunity. *Journal of Animal Science and Biotechnology/Journal of Animal Science and Biotechnology*, 11(1). <https://doi.org/10.1186/s40104-020-00498-3>
- Hernández, A.Á., García Munguía, C.A., García Munguía, A.M., Ortiz Ortiz, J.R., Sierra Vásquez, Á.C., Morales Flores, S. (2020). Sistema de producción del Cerdo Pelón Mexicano en la Península de Yucatán. *Nova Sci.* 12, 0–0. <https://doi.org/10.21640/ns.v12i24.2234>
- Higgins, R. & M. Gottschalk, (2006) Streptococcal diseases, p. 796-883. In B.E., Straw, J.J., Zimmerman, S., D'Allaire, D.J. Taylor, (ed), Diseases of swine. 9th ed.
- Huang, J., Zhang, W., Hu, Z., Liu, Z., Du, T., Dai, Y., & Xiong, T. (2020). Isolation, characterization and selection of potential probiotic lactic acid bacteria from feces of wild boar, native pig and commercial pig. *Livestock Science*, 237, 104036. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104036>
- Blackwell Publishing, USA, Intagri. (2019). Sistemas de Producción Porcina. Intagri.com. <https://www.intagri.com/articulos/ganaderia/sistemas-de-produccion-porcina>
- Instituto Nicaragüense de Tecnología Agropecuaria (INTA). 2010. Principales Enfermedades de los Cerdos. Consultado diciembre 2020. <http://www.fao.org/3/as540s/as540s.pdf>
- Keath, S., Chumtong, S., Pomwised, R., Am-Inn, N., Roytrakul, S. y Thepparat, T. (2019). Escherichia coli Contaminación bacteriana y resistencia a los antibióticos de Escherichia coli aislada de semen de jabalí.
- Kenny, M., Smidt, H., Mengheri, E., & Miller, B. (2011). Probiotics—do they have a role in the pig industry?. *Animal*, 5(3), 462-470.
- Kumar Bajaj, B., Claes, I. J., & Lebeer, S. (2015). Functional mechanisms of probiotics. *Journal of microbiology, biotechnology and food sciences.*--, 4(4), 321-327.
- Lee, YK y Mazmanian, SK (2010). ¿Ha jugado la microbiota un papel crítico en la evolución del sistema inmunológico adaptativo? *ciencia*, 330 (6012), 1768-1773.
- Lee, G. Y., & Yang, S. (2021). Profiles of coagulase-positive and -negative staphylococci in

- retail pork: prevalence, antimicrobial resistance, enterotoxigenicity, and virulence factors. *Animal Bioscience*, 34(4), 734–742. <https://doi.org/10.5713/ab.20.0660>
- Li, M., Wang, Y., Cui, H., Li, Y., Sun, Y., & Qiu, H. (2020). Characterization of lactic acid bacteria isolated from the gastrointestinal tract of a wild boar as potential probiotics. *Frontiers in Veterinary Science*, 7. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.00049>
- Long, C., Wu, J., Tan, Z., & Wang, S. (2022). Different Intestinal Microbiota with Growth Stages of Three-Breed Hybrid Pig. *BioMed Research International*, 2022, 1–9. <https://doi.org/10.1155/2022/5603451>
- Luque, A. T., Fontana, C., Pasteris, S. E., Bassi, D., Cocconcelli, P. S., & Otero, M. C. (2021). Vaginal bacterial diversity from healthy gilts and pregnant sows subjected to natural mating or artificial insemination. *Research in Veterinary Science*, 140, 26–37. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2021.07.023>
- Luque, I., Tarradas, C., Astorga, R., Perea, A., Wisselink, H. J., & Vecht, U. (1999). The presence of muramidase released protein and extracellular factor protein in various serotypes of *Streptococcus suis* isolated from diseased and healthy pigs in Spain. *Research in veterinary science*, 66(1), 69-72.
- Luque, I., Blume, V., Borge, C., Vela, A. I., Perea, J., Márquez, J. M., Fernández-Garayzábal, J. F., & Tarradas, C. (2009). Genetic analysis of *Streptococcus suis* isolates recovered from diseased and healthy carrier pigs at different stages of production on a pig farm. *The Veterinary Journal*, 186(3), 396–398. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2009.09.005>
- Macías Rodríguez, M. E. (2008). Selección de cepas de *Lactobacillus* probióticas y caracterización de sus adhesinas de superficie. Obtenido de https://cibnor.repositorioinstitucional.mx/jspui/bitstream/1001/329/1/macias_m.pdf
- Martínez, R., García, A., & López, J. (2021). Environmental Microbiota in Pig Farms: Its Role in Biosecurity and Health Management. *Journal of Swine Health and Production*, 29(1), 12-18.
- Mansilla, E. C., & Moreno, R. C. (2019). Procedimientos en Microbiología Clínica. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*.
- Masclaux, F. G., Sakwinska, O., Charrière, N., Semaani, E., & Oppliger, A. (2013).

- Concentration of Airborne *Staphylococcus aureus* (MRSA and MSSA), Total Bacteria, and Endotoxins in Pig Farms. *The Annals of Occupational Hygiene*. <https://doi.org/10.1093/annhyg/mes098>
- Mazur-Kuśnirek, M., Lipiński, K., Jørgensen, J. N., Hansen, L. H. B., Antoszkiewicz, Z., Zabielski, R., & Konieczka, P. (2023). The effect of a Bacillus-Based probiotic on sow and piglet performance in two production cycles. *Animals*, *13*(20), 3163. <https://doi.org/10.3390/ani13203163>
- Miranda Hevia, R. (2018). Microbiota digestiva del cerdo: determinación del patrón en condiciones de salud y enfermedad. Universidad de León. Obtenido de <https://buleria.unileon.es/bitstream/handle/10612/9579/Tesis%20Rub%c3%a9n%20Miranda%20Hevia.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Milián, G., Pérez, M., & Bocourt, R. (2008). Empleo de probióticos basado en Bacillus sp y de sus endosporas en la producción avícola. *Revista Cubana de Ciencia Agrícola*, *42*(2), 117-122.
- Molechan, C., Amoako, D. G., Abia, A. L. K., Somboro, A. M., Bester, L. A., & Essack, S. Y. (2019). Molecular epidemiology of antibiotic-resistant Enterococcus spp. from the farm-to-fork continuum in intensive poultry production in KwaZulu-Natal, South Africa. *The Science of the Total Environment*, *692*, 868–878. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.07.324>
- Montes, M., & García-Arenzana, J. M. (2007). Género Streptococcus: una revisión práctica para el laboratorio de microbiología. *Enfermedades infecciosas y microbiología clínica*, *25*, 14-20.
- Moturi, J., Kim, K. Y., Hosseindoust, A., Lee, J. H., Xuan, B., Park, J., Kim, E. B., Kim, J. S., & Chae, B. J. (2021). Effects of Lactobacillus salivarius isolated from feces of fast-growing pigs on intestinal microbiota and morphology of suckling piglets. *Scientific Reports*, *11*(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-85630-7>
- Moon, D. C., Jeong, S. K., Hyun, B., & Lim, S. (2018). Prevalence and characteristics of Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* Isolates in pigs and pig farmers in Korea. *Foodborne Pathogens and Disease*, *16*(4), 256–261. <https://doi.org/10.1089/fpd.2018.2509>

- Moore, W. E., Moore, L. V., Cato, E. P., Wilkins, T. D., & Kornegay, E. T. (1987). Effect of high-fiber and high-oil diets on the fecal flora of swine. *Applied and Environmental Microbiology*, 53(7), 1638–1644. <https://doi.org/10.1128/aem.53.7.1638-1644.1987>
- Muralidhara, K., Sheggeby, G., Elliker, P., England, D., & Sandine, W. (1977). Effect of Feeding Lactobacilli on the Coliform and Lactobacillus Flora of Intestinal Tissue and Feces from Piglets. *Journal of Food Protection*, 40(5), 288–295. <https://doi.org/10.4315/0362-028x-40.5.288>
- 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>
- Mukherjee, A., Lordan, C., Lordan, C., Ross, R., Cotter, P. y Cotter, P. (2020). Microbios intestinales del género filogenéticamente diverso Eubacterium y sus diversas contribuciones a la salud intestinal. *Gut Microbes*, 12. <https://doi.org/10.1080/19490976.2020.1802866>
- Novak, KN, Davis, E., Wehnes, CA, Shields, DR, Coalson, JA, Smith, AH y Rehberger, TG (2012). Efecto de la suplementación con un electrolito que contiene un microbio de alimentación directa basado en Bacillus sobre el desarrollo inmunológico en terneros lecheros. *Research in Veterinary Science* , 92 (3), 427-434.
- Odamaki, T., Kato, K., Sugahara, H., Hashikura, N., Takahashi, S., Xiao, J. Z., & Osawa, R. (2016). Age-related changes in gut microbiota composition from newborn to centenarian: a cross-sectional study. *BMC microbiology*, 16, 1-12.
- Patil, Y., Gooneratne, R. y Ju, X. (2019). Interacciones entre el huésped y la microbiota intestinal en cerdos domésticos: una revisión. *Microbios intestinales*, 11, 310 - 334. <https://doi.org/10.1080/19490976.2019.1690363>.
- Piwowarek, K., Lipińska, E., Hać-Szymańczuk, E., Kieliszek, M., y Ścibisz, I. (2017). Propionibacterium spp.—fuente de ácido propiónico, vitamina B12 y otros metabolitos importantes para la industria. *Microbiología Aplicada y Biotecnología*, 102, 515 - 538. <https://doi.org/10.1007/s00253-017-8616-7>.
- Pluske, J., Hopwood, D., & Hampson, D. (2003). Relación entre la microbiótica intestinal, el

pienso y la incidencia de diarreas, y su influencia sobre la salud del lechón tras el destete. Sitio Argentino de Producción Animal.

Ramírez, J. (2022). Manual de Laboratorio de Microbiología. Manual de laboratorio de estructuras. Universidad Veracruzana. México. Disponible en: <https://doi.org/10.19052/9786287510364>. Visitado, 13.

Reed, W., & Carroll, J. (1900). A COMPARATIVE STUDY OF THE BIOLOGICAL CHARACTERS AND PATHOGENESIS OF BACILLUS X (STERNBERG), BACILLUS ICTEROIDES (SANARELLI), AND THE HOG-CHOLERA BACILLUS (SALMON AND SMITH). *The Journal of Experimental Medicine*, 5(3), 215–270. <https://doi.org/10.1084/jem.5.3.215>

Roca Canudas, M. (2008). Estudio del ecosistema bacteriano del tracto digestivo del cerdo mediante técnicas moleculares. Universitat Autònoma de Barcelona.

Robinson, I. M., Stromley, J. M., Varel, V. H., & Cato, E. P. (1988). *Streptococcus intestinalis*, a New Species from the Colons and Feces of Pigs. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 38(3), 245–248. <https://doi.org/10.1099/00207713-38-3-245>

Schulz, J., Dumke, J., Hinse, D., Dreier, J., Habig, C., & Kemper, N. (2015). Organic Turkey Flocks: A Reservoir of *Streptococcus gallolyticus* subspecies *gallolyticus*. *PLoS ONE*, 10(12), e0144412. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0144412>

Salazar, D., Cuichán, M., Ballesteros, C., Márquez, J., & Orbe, D. (2022). Encuesta de superficie y producción agropecuaria continua - ESPAC.

Silva, R. O. S., Oliveira, C. A., Guedes, R. M. C., & Lobato, F. C. F. (2015). *Clostridium perfringens*: a review of the disease in pigs, horses and broiler chickens. *Ciência Rural*, 45(06), 1027-1034.

Schoenfelder, S. M., Dong, Y., Feßler, A. T., Schwarz, S., Schoen, C., Köck, R., & Ziebuhr, W. (2016). Antibiotic resistance profiles of coagulase-negative staphylococci in livestock environments. *Veterinary Microbiology*, 200, 79–87. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2016.04.019>

Songer, J. G., & Uzal, F. A. (2005). Clostridial enteric infections in pigs. *Journal of veterinary*

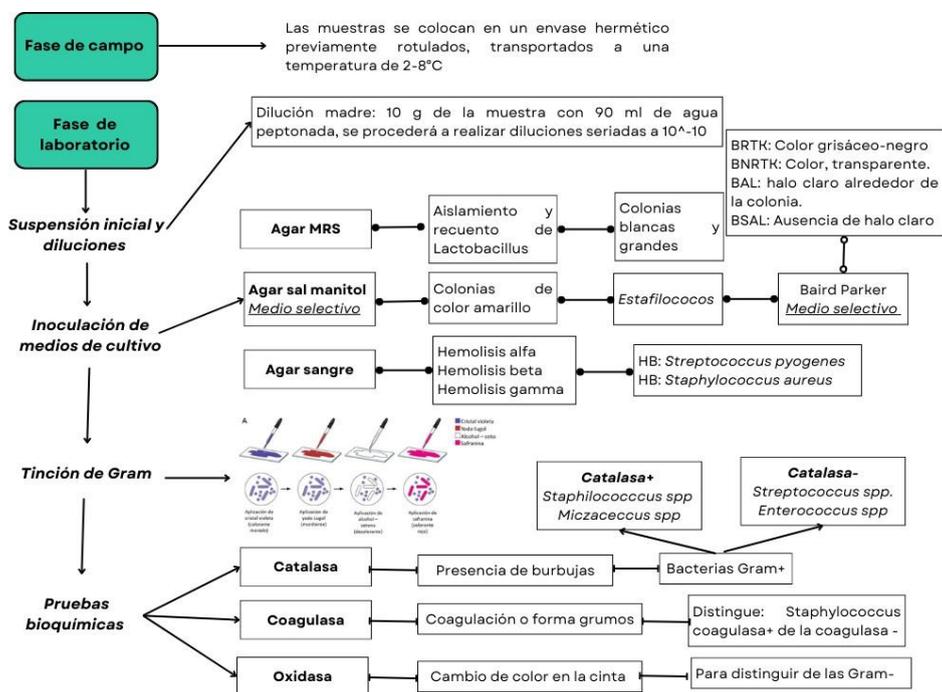
- diagnostic investigation, 17(6), 528-536.
- Sun, P., Wang, J. Q., & Zhang, H. T. (2010). Effects of *Bacillus subtilis natto* on performance and immune function of preweaning calves. *Journal of Dairy Science*, 93(12), 5851-5855.
- Su, Y., Yao, W., Perez-Gutierrez, O. N., Smidt, H., & Zhu, W. (2008). Changes in abundance of *Lactobacillus* spp. and *Streptococcus suis* in the stomach, jejunum and ileum of piglets after weaning. *FEMS Microbiology Ecology*, 66(3), 546–555. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2008.00529.x>
- Stewart, C.S. (1999). Microorganisms in hindgut fermentors. In: *Gastrointestinal Microbiol*, R.I. Mackie and B.A. White, eds, 2nd edition, Chapman and Hall Microbiol Series, New York
- Sutera, A. M., Arfuso, F., Tardiolo, G., Riggio, V., Fazio, F., Cigliano, R. A., Paytuví, A., Piccione, G., & Zumbo, A. (2023). Effect of a Co-Feed liquid Whey-Integrated diet on crossbred pigs' fecal microbiota. *Animals*, 13(11), 1750. <https://doi.org/10.3390/ani13111750>
- Swildens, B., Stockhofe-Zurwieden, N., Van Der Meulen, J., Wisselink, H. J., Nielen, M., & Niewold, T. A. (2004). Intestinal translocation of *Streptococcus suis* type 2 EF+ in pigs. *Veterinary Microbiology*, 103(1–2), 29–33. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2004.06.010>
- Swords, W. E., Wu, C. C., Champlin, F. R., & Buddington, R. K. (1993). Postnatal changes in selected bacterial groups of the pig colonic microflora. *Neonatology*, 63(3), 191-200.
- Tajima, K., & Aminov, R. (2015). Structure and function of a nonruminant gut: a porcine model. *Rumen microbiology: from evolution to revolution*, 47-75.
- Tarradas, C., Perea, A., Vela, AI, Goyache, J., Dominguez, L., Fernandez-Garaizabal, JF, ... & Luque, I. (2004). Distribución de serotipos de *Streptococcus suis* aislados de cerdos enfermos en España.
- Tejera-Hernández, B., Rojas-Badía, M. M., & Heydrich-Pérez, M. (2011). Potencialidades del género *Bacillus* en la promoción del crecimiento vegetal y el control biológico de hongos fitopatógenos. *Revista CENIC. Ciencias Biológicas*, 42(3), 131-138.

- Tercero Guerrero, Daniela Vanessa (2015) Manual: Toma, conservación y envío de muestras representativas al Laboratorio de Diagnóstico Veterinario. Licenciatura thesis, Universidad Nacional Agraria.
- Vargas Cali, J. P. (2018). Evaluación microbiológica comparativa del queso de hoja tradicional elaborado en una planta industrial y en una artesanal de la ciudad de Latacunga (Bachelor's thesis, Escuela Superior Politécnica de Chimborazo).
- Villota-Calvachi, G. E., González Marín, K. V., Marulanda Moreno, S. M., Galeano Vanegas, N. F., Velasco Ortega, D. S., Ocampo Henao, L. A., ... & Rodríguez Montes, N. (2022). Aislamiento y caracterización de bacterias productoras de biopolímeros a partir de efluentes industriales. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 24(1), 27-45.
- Wang, J., & Hu, X. (2023). Factors influencing disease prevention and control behaviours of hog farmers. *Animals*, 13(5), 787. <https://doi.org/10.3390/ani13050787>
- Wang, X., Tsai, T., Deng, F., Wei, X., Chai, J., Knapp, J., Apple, J., Maxwell, C. V., Jung Ae Lee, Li, Y., & Zhao, J. (2019). Longitudinal investigation of the swine gut microbiome from birth to market reveals stage and growth performance associated bacteria. *Microbiome*, 7(1). <https://doi.org/10.1186/s40168-019-0721-7>
- Wilssens, A. T. E., & Castele, J. C. V. (1967). Occurrence of micrococci and staphylococci in the intestines of piglets and pigs. *Journal of Applied Bacteriology*, 30(2), 336–339. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.1967.tb00306.x>
- Wylensek, D., Hitch, T. C. A., Riedel, T., Afrizal, A., Kumar, N., Wortmann, E., Liu, T., Devendran, S., Lesker, T. R., Hernández, S. B., Heine, V., Buhl, E. M., D'Agostino, P. M., Cumbo, F., Fischöder, T., Wyszkon, M., Looft, T., Parreira, V. R., Abt, B., . . . Clavel, T. (2020). A collection of bacterial isolates from the pig intestine reveals functional and taxonomic diversity. *Nature Communications*, 11(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-020-19929-w>
- Wu, D., Fu, L., Cao, Y., Dong, N., & Li, D. (2023). Genomic insights into antimicrobial potential and optimization of fermentation conditions of pig-derived *Bacillus subtilis* BS21. *Frontiers in Microbiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1239837>
- Xu, X., Duarte, M. E., & Kim, S. W. (2022). Postbiotic effects of *Lactobacillus fermentate* on intestinal health, mucosa-associated microbiota, and growth efficiency of nursery pigs

- challenged with F18+Escherichia coli. *Journal of Animal Science*, 100(8).
<https://doi.org/10.1093/jas/skac210>
- Yagual Reyes, Gisella Geomayra. (2015). Estudio de factibilidad financiera para la implementación de una granja de lechones (*Sus scrofa domestica*) en la comuna Monteverde, provincia de Santa Elena. La Libertad. UPSE, Matriz. Facultad de Ciencias Agrarias. 90p.
- Yan, X., Yu, X., Tao, X., Zhang, J., Zhang, B., Dong, R., Xue, C., Grundmann, H., & Zhang, J. (2013). Staphylococcus aureus ST398 from slaughter pigs in northeast China. *International Journal of Medical Microbiology*, 304(3–4), 379–383.
<https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2013.12.003>
- Yin, Q., & Zheng, Q. (2005). Isolation and identification of the dominant Lactobacillus in gut and faeces of pigs using carbohydrate fermentation and 16S rDNA analysis. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 99(1), 68–71. <https://doi.org/10.1263/jbb.99.68>
- Zhang, D., Ji, H., Wang, S., Liu, Y., Chen, M., & Liu, H. (2023). Lactobacillus -driven feed fermentation regulates microbiota metabolism and reduces odor emission from the feces of pigs. *mSystems*, 8(6). <https://doi.org/10.1128/msystems.00988-23>
- Zhu, Z., Wu, S., Chen, X., Tan, W., Zou, G., Huang, Q., Meng, X., Hu, D., & Li, S. (2023). Heterogeneity and transmission of food safety-related enterotoxigenic Staphylococcus aureus in pig abattoirs in Hubei, China. *Microbiology Spectrum*, 11(5).
<https://doi.org/10.1128/spectrum.01913-23>

10. Anexos.

Anexo 1. Procedimiento para la detección de bacterias Gram-positivas



Anexo 2. 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:

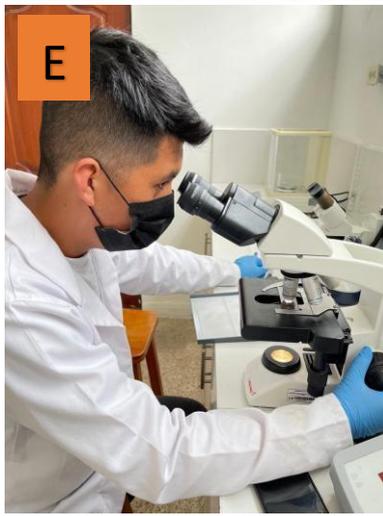
Anexo 3. Identificación de bacterias Gram positivas en granjas tradicionales

| Categoría | Granjas | Canton | Agar Sangre | | | Agar Sal Manitol | | | | | |
|-------------|---------|----------------------|-------------|----------|------------------------------|---------------------|---------|----------|-----------|------------------|----------------------------------|
| | | | Oxidasa | Catalasa | Tinción Gram | Bacteria encontrada | Oxidasa | Catalasa | Coagulasa | Fermentación | Bacteria encontrada |
| Tradicional | YT2 | Yantzaza | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | - | + | - | Amarillo | Estafilococos coagulasa negativa |
| Tradicional | YT2 | Yantzaza | - | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | - | + | - | | |
| Tradicional | YT3 | Yantzaza | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | - | + | + | Amarillo | Staphylococcus aureus |
| Tradicional | YT4 | Yantzaza | + | + | Estafilococos Gram positivos | Micrococcus spp | - | - | - | Sin fermentación | Streptococcus spp |
| Tradicional | YT5 | Yantzaza | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | - | + | - | Sin fermentación | Estafilococos coagulasa negativa |
| Tradicional | YT6 | Yantzaza | + | + | Estafilococos Gram positivos | Micrococcus spp | - | + | - | Sin fermentación | Estafilococos coagulasa negativa |
| Tradicional | YT7 | Yantzaza | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | - | + | + | Amarillo | Staphylococcus aureus |
| Tradicional | Z1 | Zamora | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | Z2 | Zamora | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Tradicional | Z3 | Zamora | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | Z4 | Zamora | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | Z5 | Zamora | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | Z7 | Zamora | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | - | + | - | Sin fermentación | Estafilococos coagulasa negativa |
| Tradicional | Z8 | Zamora | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | Z9 | Zamora | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | CC2 | Centinela del Cóndor | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | YC2 | Yacuambi | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Tradicional | PQ2 | Paquisha | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | PG2 | El Pangui | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | PG3 | El Pangui | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Tradicional | PG4 | El Pangui | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Tradicional | PG4 | El Pangui | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | PG5 | El Pangui | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | PG5 | El Pangui | - | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | N2 | Nangaritza | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | N2 | Nangaritza | - | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | CH2 | Chinchi | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Tradicional | CH2 | Chinchi | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Tradicional | CH3 | Chinchi | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Tradicional | PL2 | Palanda | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Tradicional | PL3 | Palanda | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |

Anexo 4. Identificación de bacterias Gram positivas en granjas industriales

| Categoría | Granjas | Canton | Agar Sangre | | | Agar Sal Manitol | | | | | |
|------------|---------|----------------------|-------------|----------|------------------------------|----------------------------------|---------|----------|-----------|------------------|----------------------------------|
| | | | Oxidasa | Catalasa | Tinción Gram | Bacteria encontrada | Oxidasa | Catalasa | Coagulasa | Fermentación | Bacteria encontrada |
| Industrial | YT1-E | Yantzaza | - | + | Cocos Gram positivos | Estafilococos coagulasa negativa | - | + | + | Amarillo | Staphylococcus aureus |
| Industrial | YT1-M | Yantzaza | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | - | + | + | Amarillo | Staphylococcus aureus |
| Industrial | YT1-M | Yantzaza | - | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | YT1-V | Yantzaza | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | - | + | + | Amarillo | Staphylococcus aureus |
| Industrial | Z6-E | Zamora | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | + | + | | | |
| Industrial | Z6-M | Zamora | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | Z6-V | Zamora | - | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | CC1-E | Centinela del Cóndor | - | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | CC1-M | Centinela del Cóndor | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | CC1-V | Centinela del Cóndor | - | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | YC1-E | Yacuambi | - | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | - | + | - | Sin fermentación | Estafilococos coagulasa negativa |
| Industrial | YC1-M | Yacuambi | - | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | - | + | - | Sin fermentación | Estafilococos coagulasa negativa |
| Industrial | YC1-V | Yacuambi | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | PQ1-E | Paquisha | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | PQ1-M | Paquisha | + | + | Estafilococos Gram positivos | Micrococcus spp | - | + | - | Sin fermentación | Estafilococos coagulasa negativa |
| Industrial | PQ1-V | Paquisha | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | PG1-E | El Pangui | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Industrial | PG1-M | El Pangui | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | PG1-M | El Pangui | - | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | PG1-V | El Pangui | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Industrial | NI-E | Nangaritza | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | NI-E | Nangaritza | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Industrial | NI-M | Nangaritza | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | NI-V | Nangaritza | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | NI-V | Nangaritza | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Industrial | CH1-E | Chinchi | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | CH1-M | Chinchi | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Industrial | CH1-M | Chinchi | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | CH1-V | Chinchi | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Industrial | PL1-E | Palanda | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Industrial | PL1-M | Palanda | + | + | Cocos Gram positivos | Micrococcus spp | | | | | |
| Industrial | PL1-M | Palanda | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | | | | | |
| Industrial | PL1-V | Palanda | + | + | Bacilos Gram positivos | Bacillus spp | - | + | - | Sin fermentación | Estafilococos coagulasa negativa |

Anexo 5. Trabajo de Laboratorio



Descripción: A. Preparación de pre enriquecimiento B. Pesaje de agares C. Dispensión de medios D. Sembrado E. Revisión de tinción Gram F. Pruebas bioquímicas

Anexo 6. Trabajo de campo



Descripción: A. Recolección de muestras B. Envase de la muestra C. Desinfección

Anexo 7. Certificación de traducción de inglés

CERTIFICACIÓN DE TRADUCCIÓN

Loja, 13 de febrero de 2025

Lic. Viviana Valdivieso Loyola Mg. Sc.
DOCENTE DE INGLÉS

A petición verbal de la parte interesada:

CERTIFICA:

Que, desde mi legal saber y entender, como profesional en el área del idioma inglés, he procedido a realizar la traducción del resumen, correspondiente al Trabajo de Integración Curricular titulado **Evaluación de bacterias Gram positivas presentes en heces de porcinos de la provincia de Zamora Chinchipe**, de la autoría de **Santos Alcívar Allasiche Cango**, portador de la cédula de identidad número **1950076560**

Para efectos de traducción se han considerado los lineamientos que corresponden a un nivel de inglés técnico, como amerita el caso.

Es todo cuanto puedo certificar en honor a la verdad, facultando al portador del presente documento, hacer uso del mismo, en lo que a bien tenga.

Atentamente. -



Lic. Viviana Valdivieso Loyola Mg. Sc.
1103682991

N° Registro Senescyt 4to nivel **1031-2021-2296049**

N° Registro Senescyt 3er nivel **1008-16-1454771**