



## **UNIVERSIDAD ESTATAL DE BOLÍVAR**

**Facultad de Ciencias Agropecuarias, Recursos Naturales y del Ambiente**

Carrera de medicina veterinaria

### **Tema:**

EVALUACIÓN DEL CRECIMIENTO DE LA MICROBIOTA INTESTINAL CON LA ADICIÓN DE (*Saccharomyces cerevisiae*) Y SU EFECTO SOBRE LA DIGESTION DE NUTRIENTES EN CERDOS.

**Proyecto de investigación previo a obtención del título de Médico Veterinario otorgado por la Universidad Estatal de Bolívar a través de la Facultad de Ciencias Agropecuarias, Recursos Naturales y del Ambiente, Carrera de Medicina Veterinaria**

### **Autores**

Héctor German Aldas Aldaz

Juan Carlos Toalombo Toalombo

### **Tutor:**

Dr. Franklin Román Cárdenas

**Guaranda–Ecuador**

2025

EVALUACIÓN DEL CRECIMIENTO DE LA MICROBIOTA INTESTINAL  
CON LA ADICIÓN DE *Saccharomyces cerevisiae* Y SU EFECTO SOBRE LA  
DIGESTIÓN DE NUTRIENTES EN CERDOS.

**REVISADO Y APROBADO POR:**



---

Dr. Franklin Antonio Román Cárdenas MSc.

**TUTOR**



---

Dr. Washington Fernando Carrasco Sangache PhD.

**PAR LECTOR**



---

Dr. Danilo Fabian Yáñez Silva MSc.

**PAR LECTOR**

## CERTIFICACIÓN DE AUTORIA

Yo, (Hector German Aldas Aldaz), con CI (0250046380) y (Juan Carlos Toalombo Toalombo), con CI (1850849298) declaro que el trabajo y los resultados presentados en este informe, no han sido previamente presentados para ningún grado o calificación profesional; y, que las referencias bibliográficas que se incluyen han sido consultadas y citadas con su respectivo autor(es).

La Universidad Estatal de Bolívar, puede hacer uso de los derechos de publicación correspondientes a este trabajo, según lo establecido por la Ley de Propiedad Intelectual, su Reglamentación y la Normativa Institucional vigente.



Hector German Aldas Aldaz

AUTOR

CI. 0250046380



Juan Carlos Toalombo Toalombo

AUTOR

CI. 1850849298



Dr. Franklin Antonio Román Cárdenas

TUTOR

CI. 1103065072





DOCTORA. MSc. GINA CLAVIJO CARRION  
Notaria Cuarta del Cantón Guaranda.

ESCRITURA N°20250201004P00675

DECLARACIÓN JURAMENTADA

OTORGAN:

JUAN CARLOS TOALOMBO TOALOMBO Y  
HECTOR GERMAN ALDAS ALDAZ  
CUANTÍA: INDETERMINADA  
Di 2 COPIA

P.A.

En el Cantón Guaranda, Provincia Bolívar, República del Ecuador, hoy miércoles a los veintitrés días del mes de julio del año dos mil veinticinco, ante mi **DOCTORA MSc. GINA LUCIA CLAVIJO CARRION, NOTARIA CUARTA DEL CANTÓN GUARANDA**, comparecen con plena capacidad, libertad y conocimiento, a la celebración de la presente escritura, los señores **JUAN CARLOS TOALOMBO TOALOMBO**, de estado civil soltero y **HECTOR GERMAN ALDAS ALDAZ**, de estado civil soltero, ambas partes por sus propios y personales derechos en calidad de OTORGANTES. Los comparecientes declaran ser de nacionalidad ecuatoriana, mayores de edad, de estado civil como se deja expresado, de ocupación estudiantes ambas partes, domiciliado el primero en comparecer en la parroquia Pilahuin, cantón Ambato, provincia Tungurahua y de paso por este cantón de Guaranda, provincia Bolívar, con celular cero nueve siete nueve uno siete siete tres dos cuatro; y, con correo electrónico [juatoalombo@mailes.ueb.edu.ec](mailto:juatoalombo@mailes.ueb.edu.ec); y, el segundo, en comparecer domiciliado en la parroquia Salinas, cantón Guaranda, provincia Bolívar, número cero nueve nueve dos seis cinco cero uno uno cuatro; y, con correo electrónico [haldas@mailes.ueb.edu.ec](mailto:haldas@mailes.ueb.edu.ec); hábiles en derecho para contratar y contraer obligaciones, a quienes de conocerles doy fe, en virtud de haberme exhibido sus documentos de identificación cuyas copias fotostáticas debidamente certificadas por mí, agrego a esta escritura, además a petición expresa de los comparecientes se adjunta sus documentos personales como son las cédulas de ciudadanía y certificados de votación, como documentos habilitantes. Los comparecientes me autorizan de conformidad con el artículo setenta y cinco de la Ley Orgánica de Gestión de la Identidad y Datos Civiles, a la obtención e impresión del Registro Personal Único cuyo custodio es la Dirección General de Registro Civil, Identificación y Cedulación, que incorporo a la presente escritura. Además, me facultan de conformidad con el artículo sesenta y seis, numeral diecinueve de la Constitución de la República del Ecuador, en concordancia con el artículo ocho, de la Ley Orgánica de Protección de Datos Personales, a declarar y dar un tratamiento legítimo a sus datos personales en el presente instrumento público y además a petición expresa de las partes adjunto sus documentos personales como son cédulas de ciudadanía y certificados de votación, mismos que agrego a esta escritura como habilitantes. Advertidos los comparecientes por mí la Notaria de los efectos y resultados de esta escritura, así como examinadas que fueron en forma aislada y separada de que comparecen al otorgamiento de esta escritura sin coacción, amenazas, temor reverencial, ni promesa o seducción instruidos por mí de la obligación que tienen de decir la verdad con claridad y exactitud; y, advertidos sobre la gravedad del juramento y de las penas de perjurio, me solicitan que recepte su declaración juramentada. Nosotros: **JUAN CARLOS TOALOMBO TOALOMBO**, de estado civil soltero Y **HECTOR GERMAN ALDAS ALDAZ**, de estado civil soltero, declaramos bajo juramento que los criterios e ideas emitidos en el presente proyecto de investigación, es de nuestra absoluta autoría, titulado: "EVALUACIÓN DEL CRECIMIENTO DE LA MICROBIOTA INTESTINAL CON LA ADICIÓN DE *saccharomyces cerevisiae* Y SU EFECTO SOBRE LA DIGESTIÓN DE NUTRIENTES EN CERDOS". Previo a la obtención del título de Médicos Veterinarios, otorgado por la Universidad Estatal de Bolívar, a través de la Facultad de Ciencias Agropecuarias Recursos Naturales y del Ambiente, Carrera de Medicina Veterinaria.- Es todo cuanto podemos declarar en honor a la verdad.- Para su celebración y otorgamiento se observaron los preceptos de ley que el caso requiere y leída que les fue íntegramente a los comparecientes por mí la Notaria, aquellos se afirman y ratifican en la aceptación de su total contenido y firman junto conmigo en unidad de acto, incorporando al protocolo de esta Notaria la presente escritura de Declaración Juramentada, de todo lo cual doy Fe.-----

SR. JUAN CARLOS TOALOMBO TOALOMBO.  
C.C. 185084929-8

SR. HECTOR GERMAN ALDAS ALDAZ.  
C.C. 0250046380

DOCTORA MSc. GINA CLAVIJO CARRIÓN  
NOTARIA CUARTA DEL CANTÓN GUARANDA





Victor Alejandro Dasguez

# Héctor German y Juan Carlos Aldas Aldaz y Toalo... defensa pdf imprimir 1050.docx

📅 2025

📅 2025

🎓 Universidad Estatal de Bolívar

## Detalles del documento

Identificador de la entrega

trn:oid::3117:475800224

Fecha de entrega

23 Jul 2025, 3:16 p.m. GMT-5

Fecha de descarga

23 Jul 2025, 4:54 p.m. GMT-5

Nombre de archivo

defensa pdf imprimir 1050.docx

Tamaño de archivo

3.2 MB

92 Páginas

15.185 Palabras

86.655 Caracteres



**Dr. Franklin Román Cárdenas MSc.**  
**TUTOR**

## 9% Similitud general




El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para ca...

### Filtrado desde el informe

- Bibliografía
- Texto citado
- Texto mencionado
- Coincidencias menores (menos de 15 palabras)


  
Victor Alejandro Bisquez

### Fuentes principales

- 8%  Fuentes de Internet
- 1%  Publicaciones
- 6%  Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

### Marcas de integridad

#### N.º de alerta de integridad para revisión

-  **Texto oculto**  
89 caracteres sospechosos en N.º de página  
El texto es alterado para mezclarse con el fondo blanco del documento.

Los algoritmos de nuestro sistema analizan un documento en profundidad para buscar inconsistencias que permitirían distinguirlo de una entrega normal. Si advertimos algo extraño, lo marcamos como una alerta para que pueda revisarlo.

Una marca de alerta no es necesariamente un indicador de problemas. Sin embargo, recomendamos que preste atención y la revise.



**Dr. Franklin Román Cárdenas MSc.**  
**TUTOR**

## **DEDICATORIA**

En primera instancia a Dios por habernos dado la fuerza, valor y coraje para poder culminar nuestros estudios universitarios formándonos así en buenos Médicos Veterinarios capaces de afrontar las adversidades que se presentan cada día en el campo de la medicina. A nuestros Padres quienes han sido los pilares fundamentales para alcanzar los objetivos propuestos a lo largo de este arduo proceso de formación académica a ellos que con su infinito amor nunca dieron un paso atrás, con su apoyo económico y moral que ha sido fundamental para cada uno de nosotros.

A cada una de las personas que nos apoyaron de una u otra manera sin interés alguno y que fueron parte de este gran camino que hemos recorrido durante nuestra etapa universitaria.

## **AGRADECIMIENTO.**

Agradecemos a nuestra querida Universidad Estatal de Bolívar y a todo el cuerpo de docentes de la carrera de Medicina Veterinaria los cuales nos impartieron sus valiosos conocimientos a lo largo de estos años de formación.

A la granja porcina Funorsal por haber confiado en nosotros y abrirnos las puertas de sus instalaciones para poder llevar a cabo nuestro trabajo investigativo.

Agradecemos a nuestro tutor de tesis el Dr. Franklin Román quien con su apoyo fue una pieza clave para la culminación de esta investigación.

Al Dr. Joselito Solano quien ha sido uno de los docentes quien nos ha compartido sus experiencias y consejos que nos han servido en la vida profesional y más aún quien siempre nos ha brindado su apoyo incondicional.

## ÍNDICE DE CONTENIDO

<b>CONTENIDO</b>	<b>pag</b>
CAPÍTULO I	1
1.1. INTRODUCCIÓN	1
1.2 PROBLEMA	2
1.3. OBJETIVOS	3
1.3.1. Objetivo General	3
1.3.2. Objetivos Específicos	3
1.4.HIPÓTESIS	4
CAPITULO II	5
2. MARCO TEÓRICO	5
2.1. Producción porcina en Ecuador	5
2.2. Producción y consumo	6
2.3. Demanda	7
2.4. La carne de cerdo en la alimentación	7
2.5. Anatomía y fisiología del tracto digestivo del cerdo	7
2.5.1. Boca	7
2.5.2. Estómago.	8
2.5.3. Intestino delgado, páncreas e hígado	8
2.5.4. Intestino grueso.	9
2.6. Principales filos presentes en la microbiota intestinal del cerdo	10
2.6.1. Firmicutes	10
2.6.2. Proteobacteria	10

2.6.3. Actinobacteria	10
2.6.4. Bacteroidetes.	10
2.7. Principales géneros presentes en la microbiota intestinal del cerdo	11
2.7.1. Lactobacillus	11
2.7.2. Prevotella	11
2.7.3. Faecalibacterium.	11
2.7.4. Escherichia/Shigella	11
2.7.5. Streptococcus	11
2.7.6. Staphylococcus	12
2.7.7. Enterococcus	12
2.7.8. Acinetobacter	12
2.8. Digestibilidad	12
2.9. Etapa de levante	14
2.10. Conversión alimenticia	14
2.11. Factores que inciden sobre la conversión alimenticia	15
2.12. Los probióticos	15
2.13. Importancia de los suplementos alimenticios en animales	16
2.14. Criterio para ser un probiótico	16
2.15. Mecanismo de acción	17
2.16. Utilización de los probióticos en animales	19
2.17. Ventajas al utilizar probióticos en animales	19
2.18. Efectos negativos al utilizar probióticos en los animales	21
2.19. Saccharomyces cerevisiae (levadura de cerveza)	22

2.19.1 Mecanismo de acción de <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ,	23
2.19.2 Uso en la industria alimenticia	24
2.20. Mecanismos para medir la microbiota intestinal	24
2.21. Metagenómica	26
2.21.1 La metagenómica de WGS	27
2.21.2. Análisis de genes marcadores	27
2.21.3 Tipos de análisis metagenómicos	27
2.21.4. Aplicaciones	29
CAPITULO III	31
3. MARCO METODOLÓGICO	31
3.1. Localización de la investigación	31
3.2 Metodología	31
3.2.1. Material experimental	31
3.2.2. Factores de estudio.	32
3.2.4. Tipo de diseño experimental o estadístico.	32
3.2.5. Manejo del experimento	32
3.2.6. Métodos de evaluación y datos a tomarse.	33
3.2.7 Análisis de los datos	34
CAPITULO IV	35
4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	35
4.1.1 Microbiota intestinal post adición de <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	38
4.1.2. Filogenia bacteriana	45
4.1.3. Índice de conversión alimenticia.	47

CAPITULO V	50
5. CONCLUSIONES	50
5.1. RECOMENDACIONES.	51
6. BIBLIOGRAFÍA	52

## INDICE DE TABLAS

N°	Detalle	Pag
Tabla 1	Tabla de factores que inciden sobre la conversión alimenticia	15
Tabla 2	Tabla de géneros	19
Tabla 3	Ubicación taxonómica de <i>Saccharomyces cerevisiae</i> ; <b>Error!</b> <b>no definido.</b>	<b>Marcador</b>
Tabla 4	Situación geográfica y climática de la comunidad Chazojuan	31
Tabla 5	Principales géneros encontrados en las muestras el día 1	35
Tabla 6	Principales especies encontrados en las muestras el día 1.	36
Tabla 7	Principales géneros y especies encontrados al día 30 en la muestra P4.	38
Tabla 8	Principales géneros y especies encontrados al día 30 en la muestra P5.	40
Tabla 9	Principales géneros y especies encontrados al día 30 en la muestra P6.	42
Tabla 10	Diversidad de especies según el índice de Shannon de las unidades experimentales.	43
Tabla 11	Principales filos encontrados en las muestras.	45
Tabla 12	Datos de los grupos con y sin <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	47

## INDICE DE FIGURAS

<b>Nº</b>	<b>Detalle</b>	<b>Pag</b>
Figura 1	Principales géneros encontrados en las muestras el día 1	35
Figura 2	Principales géneros encontrados en la muestra P4.	39
Figura 3	Principales géneros encontrados en la muestra P5	41
Figura 4	Principales géneros encontrados en la muestra P6	42
Figura 5	Diferencia en el índice de conversión alimenticia	47

## INDICE DE ANEXOS

N°	Detalle	Pag
	Anexo 1. Mapa de ubicación de la investigación	56
	Anexo 2 Croquis del proyecto	57
	Anexo 3 Reporte del Laboratorio	58
	Anexo 4 Reporte de secuenciamiento	59
	Anexo 5 Información de muestras	61
	Anexo 6 Resultados de diversidad de especies	62
	Anexo 7 Certificado de pureza de <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	63
	Anexo 8 Base de datos de la muestra P4 día 1	64
	Anexo 9 Base de datos de la muestra P4 día 30	65
	Anexo 10 Base de datos de la muestra P5 día 1	66
	Anexo 11 Base de datos de la muestra P5 día 30	67
	Anexo 12 Base de datos de la muestra P6 día 1	68
	Anexo 13 Base de datos de la muestra P6 día 30.	69
	Anexo 14 Base de datos del grupo de animales sin la adición de <i>Saccharomyces cerevisiae</i> .	70
	Anexo 15 Base de datos del grupo de animales con la adición de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	71
	Anexo 16 Selección de animales	72
	Anexo 17 Pesaje de los animales	72
	Anexo 18 Sedación de los animales	73
	Anexo 19 Fármacos empleados para la anestesia	73

Anexo 20 Procedimiento quirúrgico	74
Anexo 21 Toma de muestras	74
Anexo 22 Recuperación post cirugía	75
Anexo 23 Dosificación de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	75
Anexo 24 Adición de la <i>Saccharomyces cerevisiae</i> a la dieta	76
Anexo 25 . Suministro de dieta más <i>Saccharomyces cerevisiae</i> a los animales	76

## RESUMEN

El presente trabajo investigativo está enfocado en estudiar la respuesta de la microbiota intestinal del cerdo ante la adición de *Saccharomyces cerevisiae* en la dieta, con el objetivo de evaluar el crecimiento de la misma, determinar la filogenia de las bacterias que se ven influenciadas por la adición del probiótico y determinar el índice de conversión alimenticia. Esta investigación se realizó en la granja porcícola Funorsal ubicada en la comunidad de Chazojuan perteneciente a la Parroquia Salinas del cantón Guaranda, Provincia de Bolívar-Ecuador, se utilizaron 30 cerdos en etapa de levante con un promedio de 45 días de edad y 15 kg de peso, se tomaron muestras de contenido intestinal, extracción de ADN y metagenómica. Los principales microorganismos encontrados el día uno del estudio a nivel de género fueron *Staphylococcus*, *Acinetobacter*, *Escherichia/Shigella*, *Clostridium*, *Lactobacillus*, *Corynebacterium*, *Terrisporobacter*, *Enterococcus* y *Streptococcus* mientras que las principales especies encontradas fueron: *Acinetobacter Acinetobacter\_lwoffii*(X81665), *Lactobacillus\_gasseri*(AF519171), *Romboutsia\_timonensis* (NR\_144740.1) y *Streptococcus\_suis*(AF009477), al día 30 del estudio se pudo determinar que con la adición de *Saccharomyces cerevisiae* los géneros que incrementaron fueron *Prevotella*, *Lactobacillus*, *Faecalibacterium*, *Escherichia/Shigella* y *Streptococcus*, mientras que a nivel de especies fueron: *Prevotella\_copri*(AB064923), *Faecalibacterium\_prausnitzii*(AJ413954), *Lactobacillus\_gasseri*(AF519171) y *Lactobacillus\_mucosae*(AF126738), el índice de conversión alimenticia del grupo que fue expuesto al probiótico fue de 2.0 en comparación a un índice de 2.2 del grupo que no fue sometido al probiótico.

**Palabras clave:** metagenómica, *Saccharomyces*, probiótico, especies

## SUMMARY

This research work focuses on studying the response of the intestinal microbiota of pigs to the addition of *Saccharomyces cerevisiae* in the diet, with the aim of evaluating its growth, determining the phylogeny of the bacteria that are influenced by the addition of the probiotic and determining the feed conversion ratio. This research was carried out at the Funorsal pig farm located in the community of Chazojuan belonging to the Salinas Parish of the Guaranda canton, Bolívar Province, Ecuador. 30 pigs in the fattening stage with an average of 45 days of age and 15 kg of weight were used. Samples of intestinal content, DNA extraction and metagenomics were taken. The main microorganisms found on day one of the study at the genus level were *Staphylococcus*, *Acinetobacter*, *Escherichia/Shigella*, *Clostridium*, *Lactobacillus*, *Corynebacterium*, *Terrisporobacter*, *Enterococcus* and *Streptococcus* while the main species found were: *Acinetobacter Acinetobacter\_lwoffii*(X81665), *Lactobacillus\_gasseri*(AF519171), *Romboutsia\_timonensis* (NR\_144740.1) and *Streptococcus\_suis*(AF009477), on day 30 of the study it was determined that with the addition of *Saccharomyces cerevisiae* the genera that increased were *Prevotella*, *Lactobacillus*, *Faecalibacterium*, *Escherichia/Shigella* and *Streptococcus*, while at the species level they were: *Prevotella\_copri*(AB064923), *Faecalibacterium\_prausnitzii*(AJ413954), *Lactobacillus\_gasseri*(AF519171) and *Lactobacillus\_mucosae*(AF126738), the feed conversion ratio of the group that was exposed to the probiotic was 2.0 compared to a ratio of 2.2 for the group that was not exposed to the probiotic.

**Keywords:** metagenomics, *Saccharomyces*, probiotic, species

# CAPÍTULO I

## 1.1. INTRODUCCIÓN

En 2023, la producción mundial de carne de cerdo llegó aproximadamente a 111,0 millones de toneladas, lo que representa un aumento del 1,0 % en comparación con los 109,8 millones de toneladas registrados en 2022.

Según información oficial del MAG en Ecuador, el consumo per cápita de carne de cerdo es de 11,92 kg. Además, se estima que la producción nacional de carne de cerdo en 2023 alcanzó las 216.389 toneladas, lo que representa un aumento del 6% en la tasa de producción durante los últimos diez años.

En la provincia de Bolívar, la producción porcina ha cobrado mayor relevancia, especialmente en zonas subtropicales como Echeandía, Caluma, San Luis de Pambil y Las Naves, gracias a las condiciones climáticas favorables para el desarrollo de esta especie. No obstante, ante la creciente demanda de los consumidores por productos más seguros y de mejor calidad, los criadores de cerdos se han enfocado en obtener carne lo más saludable posible. A esto se suma el aumento constante en los costos de los insumos alimenticios, lo que ha motivado a los productores a buscar alternativas que optimicen la nutrición de los animales. Una de estas estrategias es la inclusión de probióticos en la dieta, con el propósito de mejorar la salud intestinal de los cerdos, lo que a su vez contribuye a un mayor incremento de peso, una mejor conversión alimenticia y, en general, una mayor eficiencia productiva. Para analizar el impacto del uso de *Saccharomyces cerevisiae*, esta investigación se basa en métodos de laboratorio como la extracción de ADN y el análisis metagenómico de la microbiota intestinal, complementados con la evaluación de indicadores productivos como el peso y la conversión alimenticia.

## 1.2 PROBLEMA

Uno de los principales problemas que se han identificado en la producción porcina es la baja eficiencia en el aprovechamiento de los nutrientes presentes en las dietas, lo cual se agrava con el constante aumento en los precios de las materias primas utilizadas para la alimentación, elevando significativamente los costos de producción.

En este contexto, se considera que una nutrición animal eficiente es clave para lograr una buena conversión alimenticia, ya que esto se traduce en un adecuado desarrollo muscular, fundamental para obtener un buen rendimiento en la faena. Sin embargo, se ha observado que, en muchos casos, la colonización microbiana temprana del lechón no ocurre de forma óptima, lo que provoca que los microorganismos que se instalan en su intestino no favorezcan adecuadamente los procesos digestivos. Como consecuencia, el animal no logra absorber correctamente una gran parte de los nutrientes, proteínas y minerales disponibles en su dieta. Frente a esta problemática, la incorporación de probióticos, especialmente *Saccharomyces cerevisiae*, representa una alternativa prometedora, ya que promueve el desarrollo de bacterias benéficas relacionadas directamente con la descomposición de los alimentos, permitiendo un mejor aprovechamiento de los nutrientes y, en consecuencia, un mayor rendimiento productivo.

### **1.3. OBJETIVOS**

#### **1.3.1. Objetivo General**

Evaluar el crecimiento de la microbiota intestinal con la adición de (*Saccharomyces cerevisiae*) y su efecto sobre la digestión de nutrientes en cerdos

#### **1.3.2. Objetivos Específicos**

- Cuantificar el crecimiento de la microbiota intestinal
- Establecer la filogenia bacteriana
- Determinar el índice de conversión alimenticia

#### **1.4. HIPÓTESIS**

**H0:** La adición de *Saccharomyces cerevisiae* no favorecerá al crecimiento de la microbiota intestinal.

**H1:** La adición de *Saccharomyces cerevisiae* favorecerá al crecimiento de la microbiota intestinal.

## **CAPITULO II**

### **2. MARCO TEÓRICO**

A lo largo de la historia, la carne de cerdo ha constituido un componente esencial en la alimentación humana, lo que ha llevado a priorizar la búsqueda de productos saludables que no solo satisfagan las preferencias del consumidor, sino que también contribuyan a la prevención de futuras enfermedades. La ganadería representa un sector de gran relevancia para América Latina y el Caribe, ya que constituye una fuente fundamental de alimentos para garantizar la seguridad alimentaria de la población. más de mil millones de personas dependen de esta actividad pecuaria, y aproximadamente el 70% de los 880 millones de personas rurales en situación de pobreza, aquellos que viven con menos de un dólar diario obtienen, al menos en parte, su sustento de la ganadería. Los sistemas de producción pecuaria son considerados como una de las estrategias más adecuadas desde los ámbitos social, económico y cultural para fortalecer el bienestar de las comunidades, dado que permiten simultáneamente garantizar medios de vida, preservar los ecosistemas, fomentar la conservación de la fauna silvestre y respetar los valores culturales y tradiciones. América Latina, gracias a sus grandes extensiones de pasturas, un clima favorable y el uso eficiente de insumos como cereales, soya y fertilizantes, posee condiciones naturales óptimas para consolidarse como un actor clave en la producción pecuaria, capaz de atender la demanda alimentaria y contribuir a la seguridad alimentaria tanto regional como global. (Ganadería, 2022).

#### **2.1. Producción porcina en Ecuador**

Según el censo realizado recientemente en Ecuador, se evidenció un aumento en la producción porcina del país durante la última década. Sin embargo, a pesar de que Ecuador ha mostrado un notable potencial como productor de carne de cerdo, en el año 2017 la producción porcina registró una disminución del 15 %. Este crecimiento en la producción porcina ha estado impulsado por la incorporación de tecnologías en los sistemas de producción y por el cambio en la percepción del consumidor respecto a las propiedades nutricionales de la carne de cerdo. (Aspe, 2017)

El 26 de enero de 2022, el Ministerio de Agricultura y Ganadería (MAG) del Ecuador, a través de la Subsecretaría de Comercialización Agropecuaria, llevó a

cabo los primeros congresos del subconsejo de la cadena porcícola correspondientes a ese año. El base de estos encuentros fue informar a los representantes del sector sobre el balance entre la oferta y la demanda de carne de cerdo proyectado para 2022. De acuerdo con los representantes del sector, se estimó una regeneración en la fase primaria de la cadena porcina en comparación con el año anterior, con un incremento esperado en la producción de aproximadamente 14.000 toneladas. En 2021, la producción nacional fue las 202,7 toneladas, mientras que para 2022 se incrementaron 216,7 toneladas, a las cuales se sumarían 3.970 toneladas importadas con el fin de cubrir la demanda interna. (Ganadería, 2022).

## **2.2. Producción y consumo**

Décadas atrás, la producción porcícola en Ecuador se daba principalmente mediante métodos de ineficiente tecnificación, donde los cerdos eran criados en granjas tradicionales y alimentados con restos de alimentos domésticos. Estas condiciones favorecían la aparición y propagación de diversas enfermedades patógenas en los animales, tales como la triquinosis y la gripe porcina. (Rouchey, J. & Colaboradores, 2014).

Según la comunidad Profesional porcina “la producción de cerdos de traspatio en Ecuador supera las 30.000 toneladas al año. En el censo agropecuario de 2017, la población porcina ecuatoriana era de 1.115.473 animales. El consumo estimado de carne de cerdo en 2010 fue de 7,3 kg/persona/año. En 2016, esta cifra ascendió a 10 kg/persona/año.” (Aspe, 2017).

En 2023 la producción de carne de cerdo tuvo un aumento según cifras del MAG con un total de 216.389 toneladas, una tasa de crecimiento del 6% y un consumo per cápita que paso de 7,92 a 11,92 kg/ persona en los últimos 5 años por lo que el consumo de la carne de cerdo va en aumento, apuntando su producción principalmente al mercado nacional y recientemente también al internacional exportando así en el mes de septiembre de 2024 27 toneladas de carne de cerdo hacia Vietnam lo que obliga a seguir tecnificando las explotaciones para poder satisfacer la demanda de este mercado. (Mag, 2024)

### **2.3. Demanda**

El creciente aumento en la demanda de carne de cerdo en Ecuador ha estado directamente relacionado con el crecimiento sostenido en el consumo. En el año 2023, el consumo per cápita alcanzó los 11,92 kg por persona, frente a los 7,92 kg registrados cinco años atrás, evidenciando una tendencia ascendente.

En 2011 se reportaron aproximadamente 1,8 millones de cerdos, registrándose desde entonces un incremento del 22,9 %. Estos datos fueron obtenidos a partir de los datos más recientes de la Encuesta de Producción Agropecuaria Continua y Superficial (ESPAC), elaborada por la Oficina Nacional de Estadística y Censos. (Aspe, 2017)

### **2.4. La carne de cerdo en la alimentación**

En la actualidad, diversos estudios verifican la idea de que el consumo de carne de cerdo como parte de la dieta diaria puede contribuir a la prevención de múltiples enfermedades. La carne roja, incluyendo la de cerdo, representa una fuente de micronutrientes esenciales como hierro, zinc y calcio, los cuales son fundamentales para la formación y reagrupación de tejidos óseos y musculares, En tanto los patrones de consumo como los de producción de carne porcina han experimentado cambios notables. (Valero, 2018)

### **2.5. Anatomía y fisiología del tracto digestivo del cerdo**

El sistema digestivo del cerdo está fijado para procesar dietas completas basadas en alimentos fibrosos, el tracto gastrointestinal presenta una estructura relativamente sencilla, conformada por órganos interconectados a través de conductos fasciales que van desde la cavidad bucal hasta el ano. Este sistema desempeña múltiples funciones complejas e interrelacionadas que son esenciales para la adecuada digestión y absorción de nutrientes. (Rouchey, J. & Colaboradores, 2014).

#### **2.5.1. Boca**

La cavidad bucal desempeña un papel fundamental no solo en la ingesta de alimentos, sino también en la disminución inicial del tamaño de las partículas mediante el proceso de molienda. Aunque la función principal de los dientes es

triturar el alimento para disminuir su tamaño y aumentar su superficie de contacto, las primeras reacciones químicas empiezan cuando los alimentos entran en contacto con la saliva. (Rouchey, J. & Colaboradores, 2014).

Existen tres glándulas salivales principales: la parótida, la submandibular y la sublingual. La producción de saliva es un resultado de que se activa ante la presencia de alimentos en la boca. La cantidad de moco presente en la saliva varía en función del grado de humedad o sequedad del alimento ingerido. (Rouchey, J. & Colaboradores, 2014).

Una vez que los alimentos han sido masticados y mezclados con la saliva, avanzan por la boca, la faringe, el esófago y para terminar llegan al estómago. El desplazamiento a través del esófago se produce gracias al proceso de peristalsis, es decir, la contracción y relajación rítmica de los músculos que permite el movimiento del bolo alimenticio. (Rouchey, J. & Colaboradores, 2014).

### **2.5.2. Estómago.**

El estómago es un órgano muscular que cumple funciones clave en el proceso digestivo, como el almacenamiento temporal de los nutrientes, el inicio de su descomposición y el posterior traslado del contenido parcialmente digerido hacia el intestino delgado. Está conformado por cuatro regiones anatómicamente diferenciadas: la región esofágica, la región de la glándula cardias, y las regiones de las glándulas fúndica y pilórica. En la zona del cardias se produce mucosidad, la cual se mezcla con el alimento. A continuación, el contenido pasa a la región fúndica, la más extensa del estómago, donde se da inicio al proceso de digestión química. En esta zona, las glándulas gástricas secretan ácido clorhídrico, generando un ambiente ácido con un pH que oscila entre 1,5 y 2,5, lo cual permite eliminar bacterias ingeridas con los alimentos. (Rouchey, J. & Colaboradores, 2014).

### **2.5.3. Intestino delgado, páncreas e hígado**

El intestino delgado representa el principal sitio de absorción de nutrientes en el sistema digestivo y se divide en tres secciones: el duodeno, el yeyuno y el íleon. La primera de estas, el duodeno, tiene aproximada de 30 centímetros y recibe

conductos provenientes del páncreas y del hígado, como primera fase de la vesícula biliar. El páncreas cumple funciones tanto exocrinas como endocrinas, lo que implica su participación en la secreción de hormonas como la insulina y el glucagón, equilibrio de los niveles de glucosa en sangre. Además, tiene un papel esencial en la producción de enzimas digestivas y bicarbonato de sodio, los cuales contribuyen al proceso digestivo. (Rouchey, J. & Colaboradores, 2014).

Las enzimas secretadas por el páncreas actúan sobre el quimo, hidrolizando proteínas, lípidos y carbohidratos, mientras tanto que el bicarbonato de sodio neutraliza la acidez del contenido estomacal, evitando el daño a las células intestinales. De este modo, el páncreas se establece como un órgano vital, al favorecer la digestión química del quimo y proteger el epitelio intestinal del efecto del pH ácido. (Rouchey, J. & Colaboradores, 2014).

Una vez que el quimo ha atravesado el duodeno, el proceso digestivo se intensifica en el yeyuno, la porción media del intestino delgado. Esta región está formando parte tanto en la degradación adicional de los nutrientes como en el inicio de su absorción. La fase final de absorción tiene lugar en el íleon, donde los nutrientes son absorbidos a través de una estructura denominada mucosa intestinal o borde en cepillo. (Rouchey, J. & Colaboradores, 2014).

Los aminoácidos y los monosacáridos cruzan la membrana del borde en cepillo, siendo primero absorbidos por las microvellosidades, luego por las vellosidades, y finalmente transportados al sistema circulatorio. Estos nutrientes son dirigidos al hígado a través de la vena porta hepática. En cuanto a los lípidos dietéticos, tras su descomposición y absorción en el borde en cepillo, ingresan al sistema linfático y son liberados posteriormente a la circulación sistémica mediante el conducto torácico. (Rouchey, J. & Colaboradores, 2014).

#### **2.5.4. Intestino grueso.**

El intestino grueso, está formado por cuatro porciones principales. El contenido proveniente del intestino delgado ingresa inicialmente al ciego, el cual presenta dos partes diferenciadas. La primera es un extremo ciego, por donde el material no

puede continuar su tránsito, mientras que la segunda parte se conecta con el resto del intestino grueso, permitiendo que el proceso digestivo continúe hasta llegar al recto y al ano, donde se produce la eliminación final de los residuos. La función principal del intestino grueso es la absorción de agua. El quimo que llega desde el intestino delgado lo hace en un estado muy líquido, y es en esta etapa donde el epitelio del intestino grueso, altamente especializado, actúa eficientemente absorbiendo el agua restante del contenido intestinal. (Rouchey, J. & Colaboradores, 2014).

## **2.6. Principales filos presentes en la microbiota intestinal del cerdo**

### **2.6.1. Firmicutes**

Los Firmicutes constituyen un grupo de bacterias que, en su mayoría, poseen una pared celular de tipo gram-positiva y se distinguen por la ausencia de una segunda membrana, a diferencia de las bacterias gram-negativas. Diversos estudios han evidenciado que una dieta rica en proteínas de origen animal y grasas saturadas favorece la proliferación de estos microorganismos en la microbiota intestinal del hospedador. Esta presencia incrementada se ha asociado con una mejora en la conversión alimenticia, lo que conlleva a un aumento más eficiente del peso corporal. (Naturalist. 2021).

### **2.6.2. Proteobacteria**

Este grupo se caracteriza por tener variedad de bacterias entre las cuales podemos observar *Neisseria*, *Escherichia coli*, *Helicobacter*, *Neisseria*, *Burkholderia glumae*, *Salmonella*, *Vibrio* y muchos otros, el nombre proteobacteria es en honor al dios griego Proteus, quien podía cambiar de forma, esto por la gran diversidad de formas que se encuentran en este filo. (Naturalist. 2021).

### **2.6.3. Actinobacteria**

Este filo se caracteriza por ser gram-positivas, estas bacterias se pueden encontrar en el suelo, juegan un papel importante en la descomposición de materia orgánica tales como, la celulosa y quitina. (Quiñones, 2021).

### **2.6.4. Bacteroidetes.**

Son un grupo de bacterias que se responsabilizan por su principal función que es la

de desdoblarse componentes vegetales y granos de una posible dieta magra y con baja tendencia en grasas. (Kang,W & colaboradores,2020).

## **2.7. Principales géneros presentes en la microbiota intestinal del cerdo**

### **2.7.1. Lactobacillus**

Los lactobacilos son un tipo de bacterias que se distinguen por su capacidad para fermentar azúcares, dando prioridad a la producción de ácido láctico. Estas bacterias están presentes tanto en el organismo del hospedador como en productos lácteos, como la leche. Su función principal es ayudar a la digestión adecuada de los alimentos, contribuyendo al equilibrio y buen funcionamiento del sistema digestivo. (Dias,2023)

### **2.7.2. Prevotella**

Estos géneros bacterianos están presentes como parte de la microbiota oral, intestinal y vaginal en la mayoría de las especies. En el tracto intestinal, su presencia puede actuar como un marcador de desequilibrio microbiano, ya que se ha asociado con efectos negativos en diversas patologías intestinales. No obstante, también pueden indicar la existencia de una dieta rica en fibra, lo que resalta su papel dual en la evaluación del estado de la microbiota intestinal. (Kang,W & colaboradores,2020).

### **2.7.3. Faecalibacterium.**

Este género bacteriano se distingue por su capacidad para descomponer carbohidratos complejos, incluyendo almidones resistentes. Entre las fuentes alimenticias asociadas a estos compuestos se encuentran las legumbres y los cereales integrales no procesados. (Ramirez, 2011).

### **2.7.4. Escherichia/Shigella**

El género *Escherichia/Shigella* se caracteriza por incluir bacterias patógenas responsables de la shigelosis en humanos, una infección intestinal severa. En cerdos, su presencia puede provocar episodios complejos de diarrea, especialmente cuando se rompe el equilibrio bacteriano normal del hospedador. (Arantza, 2021).

### **2.7.5. Streptococcus**

Este género bacteriano desempeña un papel relevante en el ámbito médico debido a su alta resistencia a determinados antibióticos, aunque generalmente muestra sensibilidad a las

penicilinas y a los betalactámicos. El término *Streptococcus* proviene del griego “streptos”, que hace referencia a una cadena, y “coccus”, que significa grano o baya. Al igual que otras bacterias patógenas, *Streptococcus* se caracteriza por causar infecciones a nivel del tracto gastrointestinal. (Cerezo, S. & colaboradores 2020).

#### **2.7.6. Staphylococcus**

Este género bacteriano se distingue por su morfología esférica y por su tendencia a agruparse en estructuras que recuerdan a un racimo de uvas. Su presencia es común en el medio ambiente, así como en la piel y en las membranas mucosas de animales y humanos. En el caso específico de los cerdos, se ha documentado que puede formar parte de la flora intestinal del individuo. (Cerezo, S. & colaboradores 2020).

#### **2.7.7. Enterococcus**

El género *Enterococcus* se caracteriza por incluir microorganismos anaerobios facultativos que forman parte de la microbiota intestinal en la mayoría de las especies animales. No obstante, bajo ciertas condiciones, estos microorganismos pueden actuar como patógenos oportunistas, causando infecciones a nivel uterino, gastrointestinal, urinario y cutáneo. (Bush. 2023).

#### **2.7.8. Acinetobacter**

Este género bacteriano se caracteriza por ser aerobio y no fermentativo, y morfológicamente presenta una forma de bacilo. Desde el punto de vista patógeno, es relevante considerar que puede estar implicado en infecciones del tracto urinario, infecciones superficiales, neumonía y bacteriemia. (Bush. 2023).

### **2.8. Digestibilidad**

La digestibilidad se define como la capacidad del organismo animal para absorber los nutrientes contenidos en los alimentos a medida que estos transitan por el tracto digestivo. Este parámetro varía significativamente según el tipo de alimento suministrado y la especie animal en cuestión. En el caso del cerdo, un animal monogástrico, su sistema digestivo está compuesto por un estómago de una sola cavidad a diferencia de los rumiantes, que poseen un estómago dividido en varias cámaras, un intestino delgado extenso y un intestino grueso relativamente corto. Esta anatomía le permite digerir una amplia variedad de alimentos. Sin embargo, el hecho de que pueda digerir diversos alimentos no implica necesariamente que

obtenga el máximo aprovechamiento nutricional de todos ellos. Algunos alimentos proporcionan más energía y nutrientes que otros, y ciertos ingredientes pueden ser digeridos con mayor facilidad, es decir, con menor esfuerzo fisiológico.

Cabe destacar que el costo de la alimentación representa aproximadamente el 80 % del total de los gastos de producción porcina, lo que convierte a la alimentación en un factor crítico dentro de la gestión productiva. Por ello, una estrategia de alimentación racional debe centrarse en suministrar al cerdo alimentos que puedan ser digeridos eficientemente y de los cuales se obtenga la mayor cantidad posible de nutrientes. En este contexto, el productor debe considerar tanto el tipo como el costo de los insumos disponibles, seleccionando aquellos que resulten más adecuados para el aprovechamiento del cerdo. (Lexus, 2018).

La digestibilidad constituye la base del método de evaluación de las dietas, ya que representa el porcentaje del alimento ingerido que no se excreta en las heces, y por lo tanto, se considera absorbido a través del tracto gastrointestinal. Este indicador es clave para determinar la calidad de los alimentos utilizados, la disponibilidad de sus nutrientes, su impacto en la salud animal, su rendimiento productivo y las características de las excretas. Asimismo, es fundamental para establecer los requerimientos nutricionales de los animales. (Manríquez, 2007).

No obstante, la digestibilidad no depende exclusivamente de la calidad del alimento ofrecido, sino también de la composición microbiana del tracto digestivo del cerdo. Las bacterias que colonizan el sistema gastrointestinal desempeñan un papel determinante en la descomposición de los nutrientes, en su absorción y en la protección contra organismos patógenos que pueden generar enfermedades intestinales.

Entre los géneros bacterianos con funciones benéficas se encuentra *Lactobacillus*, presente en el sistema digestivo de cerdos saludables y vinculado directamente con su bienestar. Variantes como *Lactobacillus acidophilus* y *Streptococcus thermophilus* tienen la capacidad de colonizar el intestino desde el nacimiento, contribuyendo a reducir la presencia de microorganismos patógenos. (Pérez, 2014).

Asimismo, *Faecalibacterium* es un género importante por su capacidad para descomponer carbohidratos complejos, incluyendo almidones resistentes presentes en alimentos como legumbres y cereales integrales no procesados. (Ramírez, 2011).

También se encuentran las bacterias fermentativas acidogénicas, responsables de transformar azúcares, aminoácidos y lípidos en ácidos orgánicos, alcoholes, cetonas, acetato, dióxido de carbono e hidrógeno. *Clostridium* es el principal género implicado en este proceso, aunque *Lactobacillus* y *Bacillus* también participan activamente. (Pérez, 2014).

Por otro lado, las bacterias hidrolíticas desempeñan un rol esencial en la digestión al romper los enlaces complejos de las proteínas, convirtiéndolas en compuestos más simples como aminoácidos, glucosa, ácidos grasos, glicerol, celulosa y lignina. En este proceso destacan principalmente los géneros *Clostridium* y *Bacteroides*. (Constanza, 2015).

## **2.9. Etapa de levante**

Esta etapa abarca desde el momento del destete hasta el inicio de la fase de ceba o engorde. Durante este período, los animales deben alcanzar aproximadamente las 10 semanas de edad y un peso cercano a los 30 kilogramos. La alimentación en esta fase se basa en formulaciones específicas, ya que es cuando se produce el crecimiento más acelerado del animal, enfocándose en el desarrollo de su estructura ósea como preparación para la etapa de ceba. Esta última tiene una duración estimada de entre 6 y 8 semanas, al cabo de las cuales los animales suelen alcanzar un peso de entre 50 y 60 kilogramos. (Campabada, 2009).

## **2.10. Conversión alimenticia**

Este parámetro se define como la cantidad de alimento necesaria para generar una unidad de incremento en el peso del animal. Su cálculo se realiza dividiendo el total de kilogramos de alimento consumido entre el total de kilogramos de peso ganados durante un periodo determinado. Para determinar el peso ganado, se efectúa la resta entre el peso final y el peso inicial del animal, utilizando la fórmula correspondiente. (Águila, 2022)

$$CA = \frac{\text{Consumo de alimento (KG)}}{\text{peso final} - \text{peso inicial}} = \frac{\text{Kg de alimento}}{\text{ganancia de peso}}$$

$$= \text{Kg alimento} - 1\text{Kg de peso}$$

### 2.11. Factores que inciden sobre la conversión alimenticia

Los factores que pueden llegar a afectar sobre nuestra conversión alimentación con la adición de *Saccharomyces cerevisiae* en la alimentación de nuestros cerdos en etapa de levante pueden ser

**Tabla 1**

*Tabla de factores que inciden sobre la conversión alimenticia.*

Tipo de comedero	Nutrición
El estado de salud de los cerdos	Manejo alimenticio
Manejo técnico de la granja	Capacitación del personal operativo
Tipo de instalaciones	Sistema de registros confiables
Genética	Presentación del alimento (harina o pellet)
Medio ambiente	

(Águila, 2020).

### 2.12. Los probióticos

Diversos estudios revisados señalan que los probióticos son microorganismos vivos, considerados beneficiosos, que se encuentran en distintos tipos de productos o preparados, tales como bacterias del ácido láctico y bifidobacterias. Estos productos contienen cultivos activos y metabolitos resultantes de su actividad, y su consumo regular en cantidades adecuadas puede modificar favorablemente el equilibrio bacteriano en el intestino, así como en otras zonas del cuerpo como la cavidad oral, la vagina y la piel, tras su implantación o

colonización en el organismo huésped. Estos efectos incluyen beneficios para la salud e incluso la reducción de bacterias patógenas. Entre los vehículos más comunes para la administración de probióticos se encuentran alimentos fermentados, elaborados a base de bacterias grampositivas y gramnegativas, levaduras u hongos, como el yogur y otros productos lácteos fermentados, los cuales pueden emplearse como complementos dietéticos. (Molina, 2019).

### **2.13. Importancia de los suplementos alimenticios en animales**

El crecimiento acelerado del mercado global de la carne representa un indicador relevante de la necesidad de incrementar la producción y elevar la calidad del producto. En este escenario, se plantea la necesidad de optimizar de manera integral los sistemas de producción ganadera, con el propósito de mejorar su rentabilidad y responder de forma eficaz a las demandas del mercado (González, 2018). En este contexto, la nutrición animal desempeña un rol crucial, ya que la provisión exclusiva de alimentos balanceados suele no ser suficiente para alcanzar una dieta equilibrada que asegure una conversión alimenticia eficiente y una ganancia de peso adecuada. (González, 2018).

### **2.14. Criterio para ser un probiótico**

Las características que un probiótico debe tener para ser de este grupo son:

- Las cepas utilizadas en los probióticos deben tener una historia de no ser patógenas.
- No ser sensible a las enzimas proteolíticas.
- Ser capaces de sobrevivir el tránsito gástrico.
- Deben ser estables frente a ácidos y bilis, y no conjugarse con las sales biliares.
- Tener capacidad para adherirse a las superficies epiteliales.
- Sobrevivir en el ecosistema intestinal.
- Ser capaces de producir componentes antimicrobianos.
- Deben permanecer vivas y estables durante su empleo.

- Deben tener un mecanismo específico de adhesión al intestino.
- Deben ser capaces de un crecimiento rápido en las condiciones del intestino.
- Deben ser capaces de inmunoestimulación, pero sin efectos proinflamatorios.

Los probióticos tienen la capacidad de intervenir a través de la síntesis de compuestos específicos o la producción de subproductos metabólicos, los cuales pueden desempeñar una función protectora o inducir efectos fisiológicos positivos en el organismo hospedador. (González, 2018).

### **2.15. Mecanismo de acción**

Las comunidades microbianas presentes en el sistema digestivo de los animales domésticos son altamente complejas y están compuestas por bacterias, protozoarios, hongos y virus. Estos microorganismos desempeñan funciones fundamentales en la digestión y fermentación de polímeros vegetales, en la síntesis de vitaminas, la bioconversión de compuestos tóxicos, la estimulación del sistema inmunológico, el mantenimiento de la motilidad intestinal y la integridad de la mucosa, así como en la prevención de la colonización por patógenos. (Molina, 2019).

Diversos autores sostienen que la microbiota incide de manera directa en la eficiencia alimentaria, la productividad, la salud y el bienestar de los animales. Esta comunidad microbiana varía en función de múltiples factores, tales como el tipo de alimentación, la composición de la dieta y las prácticas de manejo dentro de la unidad de producción.

En especies rumiantes, la microbiota del rumen contribuye aproximadamente con el 70 % del requerimiento energético diario del animal. Los microorganismos ruminales poseen un amplio repertorio enzimático que les permite hidrolizar carbohidratos estructurales como la celulosa, xilano, manano, pectina, inulina, betaglucano y almidón resistente. Esta degradación conduce a la producción de ácidos grasos de cadena corta principalmente acetato, propionato y butirato que son esenciales para la salud y nutrición del hospedador.

Los beneficios atribuidos al uso de probióticos en la salud animal se relacionan principalmente con su capacidad para promover el equilibrio microbiano en el tracto digestivo. Dicho equilibrio se alcanza a través de mecanismos como la exclusión competitiva, el antagonismo bacteriano y la inmunorregulación.

Uno de estos mecanismos consiste en la adhesión de los probióticos a la mucosa gastrointestinal, ocupando los sitios que de otro modo serían susceptibles a la colonización por bacterias patógenas productoras de enterotoxinas. Esta estrategia, conocida como exclusión competitiva, impide la proliferación de dichos patógenos. Además, los probióticos pueden disminuir el flujo sanguíneo intestinal y reducir el crecimiento de *Escherichia coli* al estimular el peristaltismo.

Algunos probióticos también son capaces de sintetizar metabolitos que neutralizan toxinas liberadas por bacterias coliformes. Otro mecanismo relevante es la acidificación del entorno gástrico mediante la producción de ácido láctico, lo cual inhibe el desarrollo de microorganismos patógenos y favorece la proliferación de bacterias beneficiosas como *Lactobacillus* y otros géneros con propiedades prebióticas. (Molina, 2019).

**Tabla 2**

*Tabla de géneros*

<b>Genero</b> <i>Lactobacillus</i>	<b>Genero</b> <i>Sacharomyces</i>	<b>Genero</b> <i>Leuconostoc</i>
<b>Lb. Johnsonii</b>	S. cerevisiae	Ln. Latis
<b>Lb. acidophilus</b>	S. unisporus	Ln. Mesentroides sp. Mesentroides
<b>Lb. Kefirgranum</b>		Ln. Mesentroides sp. Cremoris
<b>Lb. Helvetius</b>		Ln. Mesentroides sp dextranicum
<b>Lb. Delbrueckii sp.</b> <b>Bulgaricus</b>		
<b>Lb. Kefiranofaciens</b>	<b>Genero</b> <i>Kluyveromyces</i>	<b>Otros géneros</b>
<b>Lb. Casei</b>	K. marxianus Marxianus	sp. Candida kéfir
<b>Lb. Rhamnosus</b>	K. marxianus Lactis	sp. Torulaspora delbrueckii
<b>Lb. Zeae</b>		Geotrichum candidum link
<b>Lb. Plantarum</b>		
<b>Lb. Brevis</b>	<b>Genero</b> <i>Lactococcus</i>	<b>Otras bacterias</b>
<b>Lb. Buchneri</b>	L. lactis sp. Lactis	Streptococcus thermophilus
<b>Lb. Fermentum</b>	L. lactis sp. Cremoris	
<b>Lb. Kefir</b>	L. lactis sp. Lactis biovar diacetylactis	

(Molina, 2019)

## 2.16. Utilización de los probióticos en animales

La inclusión de probióticos en animales de producción, pertenecientes a diversas especies de interés económico, ha demostrado mejorar de manera significativa tanto

el rendimiento productivo como el estado de salud de los ejemplares, según diversos estudios. Su uso como promotores del crecimiento se perfila como una alternativa viable al empleo de antibióticos. Los resultados obtenidos pueden variar considerablemente, dependiendo de factores como las especies microbianas utilizadas, la especie animal en cuestión, su edad y las condiciones previas de la microbiota gastrointestinal.

Los probióticos son microorganismos vivos que pueden incorporarse en la formulación de distintos productos, incluidos alimentos, medicamentos y suplementos dietéticos. Las especies más empleadas con fines probióticos pertenecen, en su mayoría, a los géneros *Lactobacillus* y *Bifidobacterium*, aunque también se han utilizado otros microorganismos como la levadura *Saccharomyces cerevisiae*, así como algunas cepas de *Escherichia coli* y *Bacillus*. (Henríquez 2020)

Los probióticos se definen como productos que contienen microorganismos vivos en concentraciones adecuadas, modificando la microbiota del hospedador, mejorar su funcionamiento fisiológico y proporcionar beneficios para la salud mediante colonización en el tracto gastrointestinal. Esta definición destaca la relevancia de alcanzar niveles poblacionales suficientes de estos microorganismos para generar efectos positivos sobre la composición y actividad de la microbiota intestinal.

### **2.17. Ventajas al utilizar probióticos en animales**

- Se estima que existen más de cuatro millones de especies bacterianas, aunque hasta el momento solo se han identificado aproximadamente cuatro mil. Una proporción de estas especies incluye microorganismos patógenos capaces de causar enfermedades, lo que resalta la importancia de implementar estrategias eficaces para su control o eliminación. El uso de probióticos representa un avance significativo en la mitigación de estos problemas.
- Previene la diarrea al suprimir las bacterias patógenas, reduciendo así la mortalidad relacionada con la diarrea en animales jóvenes, evitando pérdidas económicas.
- Mejor absorción de nutrientes en las formulaciones de alimentos, lo que mejora

los índices de conversión y su importancia económica en términos de ganancia de peso. Al mejorar la resistencia inmunológica del animal, se disminuye considerablemente la utilización abusiva de antibióticos, su costo y dificultad de administración.

- Los probióticos presentan la capacidad de inhibir el crecimiento de bacterias patógenas en el tracto gastrointestinal mediante diversos mecanismos, entre ellos la competencia por nutrientes y espacio, así como la producción de compuestos antimicrobianos. Entre estas sustancias se incluyen el ácido láctico, otros ácidos orgánicos y bacteriocinas, que poseen propiedades similares a las de los antibióticos. La evidencia científica respalda la eficacia de los probióticos en la inhibición de agentes patógenos y en el tratamiento de infecciones intestinales asociadas a dichos organismos.
- La flora probiótica del intestino delgado tiene un poderoso efecto sobre el sistema inmunológico, mejorando la respuesta inmune tanto celular como humoral. Las citocinas, como las hormonas.
- Numerosas enzimas del organismo dependen de la presencia de vitaminas del complejo B para su funcionamiento adecuado. Las coenzimas, por su parte, tienen la capacidad de sintetizar varias de estas vitaminas, tales como B1, B6, B12, ácido fólico, biotina, así como ciertos aminoácidos. No obstante, algunos componentes de la dieta pueden inhibir la actividad de *Lactobacillus acidophilus* y de otras bacterias involucradas en la descomposición y metabolismo de la vitamina B1, lo que podría afectar negativamente su disponibilidad en el organismo.

### **2.18. Efectos negativos al utilizar probióticos en los animales**

Diversas investigaciones, que incluyen estudios histológicos, hematológicos, de química sanguínea, peso de órganos y otros análisis realizados en animales utilizando dosis hasta diez veces superiores a las recomendadas, han demostrado la ausencia de reacciones adversas. (Henríquez, 2020).

La incorporación de probióticos en la alimentación animal contribuye a establecer un entorno favorable para la proliferación de bacterias benéficas, lo cual promueve

un microbioma intestinal funcionalmente activo. Este ambiente microbiano enriquecido favorece una mayor eficiencia en la descomposición de proteínas, grasas y fibras, incrementando así la capacidad digestiva y el aprovechamiento de los nutrientes.

### 2.19. *Saccharomyces cerevisiae* (levadura de cerveza)

**Tabla 3**

*Clasificación taxonómica de Saccharomyces cerevisiae*

<b>Reino</b>	<b>Hongo</b>
<b>División</b>	Amastogomycota
<b>Clase</b>	Ascomycetes
<b>Subclase</b>	Hemiascomycetidae
<b>Orden</b>	Endomycetales
<b>Familia</b>	Sacchaomycetaceae
<b>Subfamilia</b>	Saccharomycetidae
<b>Género</b>	<i>Saccharomyces</i>
<b>Especie</b>	<i>Cerevisiae</i>

(Henríquez, 2020).

Las levaduras son microorganismos eucariotas que pertenecen al reino *Fungi*, presentan propiedades diferenciadas respecto a las bacterias, tanto en términos morfológicos como bioquímicos, con una notable variabilidad entre especies. Una de las especies más ampliamente reconocidas es *Saccharomyces cerevisiae*, utilizada desde la antigüedad en la producción de vino, pan y cerveza. En tiempos más recientes, cepas específicas de esta levadura han sido incorporadas a la alimentación animal con el propósito de promover la salud y el bienestar de los animales (Hernández, 2017).

Las levaduras son empleados como fuente de proteínas, siendo *Saccharomyces cerevisiae* la principal representante de la llamada proteína unicelular, obtenida a partir de biomasa microbiana. Actualmente, la producción anual estimada de esta levadura alcanza aproximadamente las 200,000 toneladas en peso seco, reflejando su relevancia en sectores alimentarios y biotecnológicos. Este microorganismo ha estado estrechamente vinculado con el desarrollo humano a lo largo del tiempo. El nombre de la especie se deriva de los términos “*saccharo*” (azúcar), “*myces*” (hongo) y “*cerevisiae*” (cerveza). Se trata de una levadura heterótrofa con una elevada capacidad fermentativa, que obtiene energía a partir de la glucosa. Su presencia es común en plantas, suelos, así como en el tracto gastrointestinal y genital del ser humano. Su fuente principal de nutrientes son azúcares simples como glucosa, fructosa, sacarosa y manosa (Suárez, 2016).

En cuanto a su estructura celular, *Saccharomyces cerevisiae* presenta una pared celular, un núcleo definido y diversos organelos, entre ellos ribosomas y mitocondrias. La formación de cápsulas polisacáridas, vacuolas, así como el grado de desarrollo mitocondrial, varían en función de las condiciones fisicoquímicas del medio y de la fase de crecimiento del cultivo (Suárez, 2016).

### **2.19.1 Mecanismo de acción de *Saccharomyces cerevisiae*,**

La levadura actúa por competencia, impidiendo y previniendo la proliferación de los gérmenes patógenos. Tiene una temperatura óptima de proliferación a 37-40°C, que coincide con la temperatura corporal animal de manera que, al multiplicarse en el tracto gastrointestinal, su eficiencia es óptima.

- Ejerce las funciones de la flora intestinal normal, ya que las levaduras vivas son la fuente más importante de las vitaminas del complejo B, necesarias para corregir la deficiencia que se presenta en los cuadros patológicos intestinales.
- Suministra enzimas, principalmente diastasas, útiles en los procesos digestivos.
- Estimula la actividad enzimática de la mucosa intestinal. (Fuentes. 2022).

### **2.19.2 Uso en la industria alimenticia**

La levadura *Saccharomyces cerevisiae* se utiliza ampliamente en múltiples sectores industriales, entre los que se incluyen la fermentación, la producción de alimentos, la agricultura, los biocombustibles, la medicina, la industria química y la protección ambiental. Su composición química está conformada por proteínas, glicoproteínas, polisacáridos, fosfatos, lípidos y ácidos nucleicos. La pared celular representa entre el 15 % y el 25 % de su masa seca, y se caracteriza por un alto contenido de polisacáridos, como  $\beta$ -glucanos y mánanos. Estos compuestos han sido clasificados como modificadores de la respuesta biológica e inmunoestimulantes, lo que ha generado un creciente interés en el uso de *S. cerevisiae* como suplemento nutricional en animales. Su incorporación en la dieta animal tiene como objetivo mejorar el rendimiento productivo, fortalecer la salud y favorecer el bienestar general, mediante una influencia positiva sobre el sistema inmunológico y la mitigación de los efectos del estrés y las enfermedades (Gutiérrez, 2021).

Además, *Saccharomyces cerevisiae* se distingue por su elevada capacidad fermentativa y puede ser aislada con relativa facilidad en plantas, suelos y en el tracto gastrointestinal y genital humano. Es reconocida como una de las principales especies utilizadas en la producción de alcohol, lo que también la posiciona como una fuente relevante de proteínas y vitaminas en la nutrición animal. En la formulación de piensos para aves y cerdos, es común el uso de levadura residual procedente de la fermentación alcohólica, debido a su elevado contenido proteico. Sus aplicaciones más extendidas se encuentran en la industria panadera, cervecera, vinícola y en la producción de alcohol. Esta especie ha sido clasificada como un microorganismo GRAS (*Generally Recognized As Safe*), lo que ha permitido su autorización como aditivo alimentario (Suárez, 2016).

### **2.20. Mecanismos para medir la microbiota intestinal**

El tracto intestinal de los mamíferos alberga una amplia diversidad de microorganismos que mantienen una relación simbiótica con el hospedador, conformando lo que se denomina microbiota. Esta comunidad está compuesta predominantemente por bacterias, aunque también incluye arqueas, virus, protozoos

y hongos. La microbiota no se distribuye de manera uniforme a lo largo del aparato digestivo; por el contrario, existen diferencias significativas entre los distintos segmentos, incluidas las heces, así como entre el lumen intestinal y la mucosa. Además, su composición no es estática, sino que está sujeta a la influencia de diversos factores internos —como la edad, el sexo y la genética— y externos, entre ellos la dieta, el uso de antimicrobianos, la estacionalidad y el manejo. En el caso del cerdo, la microbiota experimenta cambios a lo largo de su desarrollo mediante un proceso conocido como sucesión microbiana.

El estudio de la microbiota ha representado históricamente un desafío considerable, centrándose principalmente en la identificación y caracterización de las bacterias. Las metodologías utilizadas han abarcado desde técnicas de cultivo microbiológico hasta herramientas de secuenciación del ADN. Sin embargo, con la introducción de tecnologías de secuenciación masiva, algunas de estas técnicas tradicionales han caído en desuso. Cada enfoque metodológico proporciona diferentes tipos de información, lo cual permite caracterizar de manera más precisa la estructura y función de la comunidad microbiana intestinal:

- Qué bacterias están presentes (taxones bacterianos).
- En qué cantidad está cada población microbiana (cuantificación).
- Cómo es la estructura global del ecosistema (diversidad).

Algunas metodologías utilizadas en el análisis microbiológico requieren conocimiento previo del microorganismo objetivo, mientras que otras permiten la identificación de especies previamente no descritas. En la actualidad, una de las técnicas más utilizadas es la secuenciación masiva del gen ribosómico 16S. Este procedimiento implica la extracción de ADN a partir de muestras fecales o segmentos del tracto intestinal, seguido de la amplificación mediante PCR de regiones hipervariables del gen, específicamente V3 y V4, las cuales permiten distinguir entre diferentes especies bacterianas. Esta técnica posibilita la detección de bacterias no cultivables y de aquellas cuyas secuencias genómicas aún no se encuentran registradas. Además, proporciona información sobre la concentración

relativa, la distribución y la diversidad de los microorganismos presentes en la microbiota.

El principal resultado derivado del análisis de microbiota es la determinación de su composición taxonómica, la cual puede variar según la técnica empleada. En el caso de la secuenciación masiva, también es posible obtener datos adicionales, como la diversidad microbiana intraindividual e interindividual. Esta información puede representarse gráficamente, lo que facilita una interpretación visual rápida y comprensible de los resultados.

Debido a la amplia gama de aplicaciones prácticas del estudio de la microbiota intestinal, este tipo de análisis resulta clave para comprender cómo actúan diversos productos como los probióticos, prebióticos, simbióticos, postbióticos y otros aditivos en la modulación de la microbiota intestinal. En los últimos años, y como consecuencia de las restricciones en el uso de antibióticos y la eliminación del óxido de zinc (ZnO), estas investigaciones han cobrado especial relevancia, con el objetivo de identificar alternativas eficaces.

El análisis de la microbiota antes de la aparición de enfermedades intestinales permite establecer asociaciones entre cambios microbianos y la predisposición a infecciones, así como su evolución posterior. Numerosos estudios se han centrado en identificar grupos bacterianos que puedan actuar como marcadores de salud o enfermedad a nivel gastrointestinal, destacando especialmente la familia *Enterobacteriaceae* y el género *Lactobacillus*. Por ejemplo, se ha observado que la susceptibilidad a la diarrea postdestete puede variar según la diversidad y riqueza microbiana presente en lechones durante la lactancia, con fluctuaciones en las proporciones de familias como *Lachnospiraceae*, *Ruminococcaceae*, *Prevotellaceae* y *Lactobacillaceae* (Mencia, 2023).

### **2.21. Metagenómica**

La metagenómica es el estudio de la estructura y función de todas las secuencias de nucleótidos aisladas y analizadas de todos los organismos (habitualmente microbios) en una muestra a granel. La metagenómica se utiliza frecuentemente

para estudiar una comunidad específica de microorganismos, como los que residen en la piel humana, en el suelo o en una muestra de agua. Se utiliza generalmente cuando estamos estudiando las comunidades microbianas en el que no se pueden separar un microorganismo de otro. Como que podría haber dos bacterias que crecen juntas, así que cuando se toma la secuencia de ADN, se está obteniendo la secuencia de ADN de ambas a la vez. (Green. 2018).

En la actualidad, se utilizan dos métodos principales para estudiar las comunidades microbianas mediante secuenciación de alto rendimiento: los estudios de genes marcadores y la metagenómica del genoma completo denominada Metagenómica - WGS

### **2.21.1 La metagenómica de WGS**

Tiene como objetivo secuenciar todos los genomas existentes en una muestra ambiental para analizar la biodiversidad y las capacidades funcionales de la comunidad microbiana estudiada. A medida que se recupera todo el material genético de una muestra, es posible caracterizar la diversidad completa de un hábitat, incluyendo arqueas, bacterias, eucariotas, virus y plásmidos, así como su contenido genético.

### **2.21.2. Análisis de genes marcadores**

Se basan en la secuenciación de una región específica de un gen para revelar la diversidad y la composición de grupos taxonómicos específicos presentes en una muestra ambiental. Los principales genes marcadores utilizados en ecología microbiana son el gen 16S rRNA (para analizar la presencia de arqueas y bacterias), la región espaciadora interna transcrita (ITS) (para caracterizar la composición de la comunidad fúngica) y el rRNA 18S (para informar de la presencia de eucariotas). Desde que se han desarrollado los análisis de la metagenómica y los genes marcadores de WGS, se han establecido nuevos hitos en la ecología microbiana. Ambos enfoques se han utilizado ampliamente para caracterizar las comunidades microbianas, en particular junto con tecnologías de secuenciación de alto rendimiento. (Pérez. 2020).

### **2.21.3 Tipos de análisis metagenómicos**

A comienzos del siglo XXI surgieron nuevos métodos de secuenciación, basados

en la síntesis y las denominadas plataformas de Next-generation Sequencing (NGS) teniendo un efecto transformador en la comprensión de la genómica microbiana siendo sus dos técnicas principales la secuenciación del genoma completo y la secuenciación de forma más dirigida del gen específico de bacterias 16S rRNA (18S rRNA en eucariotas). Ambas técnicas son muy eficaces, siendo cada una útil en diferentes aplicaciones.

- **Shotgun:** permite conocer la información metabólica y funcional de cada microorganismo y diferenciar entre las distintas cepas de una misma especie, siendo capaz de identificar nuevos microorganismos mediante alineamiento de novo. Este tipo de secuenciación resulta muy útil a la hora de identificar cepas y microorganismos poco abundantes en una comunidad microbiana.
- **Secuenciación del gen bacteriano 16S rRNA:** secuencia dicho gen en los genomas presentes en una muestra de manera conjunta. Este tipo de genes ribosomales, están altamente conservados, son evolutivamente estables y contienen regiones hipervariables V1-V9, de entre las cuales cabrían destacar V3 y V4 por ser las más estudiadas y utilizadas, aunque también existen otras como V1, V2 o V9. Estas regiones son específicas de bacterias y permiten diferenciar entre géneros y especies.

La metagenómica es una alternativa a la microbiología tradicional, que se basa en la clonación de genes específicos. La metagenómica permite estudiar microorganismos que no pueden cultivarse en un laboratorio, ya que solo se puede cultivar entre el 1% y el 3% de los microorganismos de un ambiente. Esto Implica tomar una muestra de microbios de un entorno como el suelo, un acuífero o parte del cuerpo. El material genético está aislado y la muestra resultante tiene material genético de todos los miembros de la comunidad, mezclado. Se puede aprender mucho de qué tipo de los genes están presentes en la muestra, como qué especies hay, qué vías metabólicas utilizan, cómo funciona su sistema inmunológico y más. (Pérez. 2020).

La principal ventaja de la metagenómica de WGS en comparación con la secuenciación de genes marcadores es que ofrece la posibilidad de caracterizar la diversidad genética y genómica de la comunidad analizada, así como las funciones

potenciales y novedosas que están presentes en la comunidad estudiada. Además, cuando se utiliza una profundidad de secuenciación adecuada, es posible ensamblar genomas completos a partir de datos del metagenoma para obtener información sobre la "diversidad genómica" de los ecosistemas microbianos y obtener genomas preliminares de organismos no cultivados. Aunque se han desarrollado enfoques recientes para clasificar secuencias de genes marcadores a niveles taxonómicos más bajos que el género, todavía no es posible distinguir entre genomas con regiones de genes marcadores similares, mientras que la metagenómica de WGS nos permite asignar taxonomía a niveles de especie y cepa. Además, en comparación con el enfoque de genes marcadores, la metagenómica de WGS generalmente se ve menos afectada por los sesgos asociados con la PCR necesaria para amplificar los genes marcadores, como el número de ciclos utilizados o los cebadores y regiones hipervariables elegidos. Sin embargo, la secuenciación de la metagenómica de WGS también puede verse afectada por sesgos en la producción metagenómica, principalmente debido al uso de protocolos de amplificación del genoma completo, que se aplican cuando se trabaja con muestras de ADN de baja concentración. (Pérez. 2020).

Hasta la fecha, los instrumentos de secuenciación de Illumina son los más utilizados en el mercado debido a su superior rentabilidad y alta precisión de secuenciación. Una vez obtenidos los datos procedentes de secuenciación de regiones variables 16S y 18S, se procede al filtrado de datos y controles estadísticos de calidad de las secuencias, seguido de la anotación basada en asignación de OTUs (Operational Taxonomic Unit), el cálculo de la alfa y beta diversidad, la clasificación taxonómica y análisis diferencial y por último la predicción de la contribución en rutas biológicas y metabólicas. (Biotech. 2012).

#### **2.21.4. Aplicaciones**

Las aplicaciones de la metagenómica abarcan una amplia variedad de campos, entre ellos la biotecnología, la farmacología, la medicina, la producción de biocombustibles, la biorremediación y la agricultura. En el ámbito agrícola, por ejemplo, esta herramienta permite identificar la ubicación de comunidades bacterianas específicas que pueden influir en el crecimiento vegetal. En el campo

médico, su relevancia ha quedado evidenciada en iniciativas como el Proyecto Microbioma Humano, cuyo propósito principal es caracterizar las comunidades microbianas que habitan el organismo humano, con el fin de mejorar la calidad de vida (Henderson, 2021).

La metagenómica se ha consolidado como una herramienta valiosa para el diagnóstico clínico, debido a su capacidad para detectar potenciales patógenos incluyendo bacterias, virus y protozoos en una muestra, al tiempo que permite evaluar simultáneamente la respuesta del hospedador. Esta característica la convierte en un recurso útil para la identificación de diversas patologías, tales como enfermedades metabólicas, autoinmunes, inflamatorias, neurológicas, respiratorias e incluso distintos tipos de cáncer. Además, ha sido empleada en estudios destinados a evaluar la eficacia terapéutica de fármacos, como los tratamientos inmunoterapéuticos, así como su toxicidad en determinadas quimioterapias.

La integración de datos metagenómicos individuales con información clínica y hábitos de vida del paciente ofrece un enfoque prometedor para la identificación de factores de riesgo, el diagnóstico temprano y el pronóstico de enfermedades. Asimismo, esta integración contribuye al desarrollo de estrategias terapéuticas personalizadas, más eficaces y adaptadas a las características particulares de cada individuo (Biotech, 2012).

## CAPITULO III

### 3. MARCO METODOLÓGICO

#### 3.1. Localización de la investigación

- **Localización del experimento.**

Esta investigación se realizó en la granja Porcicola Funorsal ubicada en la Comunidad de Chazojuan perteneciente a la Parroquia Salinas del cantón Guaranda, Provincia Bolívar-Ecuador.

- **Situación geográfica y climática**

**Tabla 4**

*Situación geográfica y climática de la comunidad Chazojuan*

<b>Altitud</b>	<b>1050 m.s.n.m.</b>
<b>Latitud</b>	-1.39559° o 1° 23' 44" sur
<b>Longitud</b>	-79.15026° o 79° 9' 1" oeste
<b>Humedad relativa promedio anual</b>	72.79 %
<b>Precipitación promedio anual</b>	2.000 a 4.000 mm/año
<b>Temperatura máxima</b>	26 °C
<b>Temperatura media</b>	19 °C
<b>Temperatura mínima</b>	12 °C

- **Zona de vida**

De acuerdo con la clasificación de las zonas de vida, realizado por Holdridge, L. el sitio correspondiente a la formación bosque húmedo templado cálido.

#### 3.2 Metodología

##### 3.2.1. Material experimental

- 30 cerdos en etapa de levante.

### **3.2.2. Factores de estudio.**

Microbiota intestinal.

### **3.2.3. Tratamientos**

Dieta convencional (Alimento comercial)

Dieta convencional más 2 kg de *Saccharomyces cerevisiae* por tonelada de alimento.

### **3.2.4. Tipo de diseño experimental o estadístico.**

Estadística descriptiva

### **3.2.5. Manejo del experimento**

Se seleccionaron cerdos en etapa de levante con una edad de 45 días con un peso promedio de 15 kg, los animales fueron alojados en corrales elevados con piso plástico en dos grupos de 15 animales cada uno (control sin *Saccharomyces cerevisiae*) y (con *Saccharomyces cerevisiae*).

Al comenzar el estudio (día 1) se seleccionó al azar tres animales de cada grupo a los que se realizó la extracción de 20 gr de contenido intestinal por medio de procedimiento quirúrgico, las muestras fueron colocadas en envases estériles, codificadas, embaladas, se ubicaron en un cooler con hielo seco a una temperatura de 8 grados centígrados y fueron enviadas al laboratorio Biosequence S.A.S Quito-Ecuador en donde se ejecutó la extracción de ADN y su posterior Secuenciación NGS Metagenómica de Amplicon.

Posteriormente se aplicó *Saccharomyces cerevisiae* al alimento por un periodo de 30 días, cumplida la etapa de exposición al probiótico los animales fueron nuevamente sometidos al procedimiento quirúrgico para obtener la segunda muestra tanto del grupo control como del grupo con *Saccharomyces cerevisiae*, mismos que fueron enviadas otra vez a Biosequence S.A.S para los análisis respectivos.

- **Extracción de muestras para metagenómica.**

1. Las unidades muestréales fueron sometidas a ayuno de 12 horas continuas.
2. Cada animal fue sometido a un baño antiséptico.
3. La primera etapa de sedación de cada unidad experimental se realizó con

acepromazina a una dosis de 0,2 mg/kg-IM.

4. Se utilizó una mezcla de ketamina 20 mg/Kg y 3 mg/Kg de xilacina vía intramuscular para inducir y mantener el estado de anestesia.
5. Una vez inmovilizado el paciente se ubicó en posición anatómica de cubito supino dorsal.
6. Se aplicó lidocaína en el área de incisión a una dosis de 3ml/animal.
7. Se realizó un corte de 4 a 5 cm en la piel a nivel de la línea alba.
8. Una vez localizado el intestino delgado se procedió a realizar un corte vertical, en dirección cráneo-caudal.
9. Posteriormente se observó la luz intestinal, y se procedió a la toma de la muestra que fueron 20 gr de contenido.
10. Se suturo el corte realizado en el intestino utilizando una sutura absorbible (catgut simple).
11. Se procedió a colocar el intestino dentro de la cavidad abdominal.
12. Se suturo tejido muscular, subcutáneo y piel externa logrando cerrar la herida.
13. Se aplicó un antibacteriano externo a base de sulfadiazina de plata en spray a la herida.
14. Por último, se administró por vía intramuscular penicilinas G. Procaínicas y potásicas más antiinflamatorios a una dosis de 1ml/15 kg de peso vivo.

### **3.2.6. Métodos de evaluación y datos a tomarse.**

- **Peso**

Se registró el peso individual de los animales de los dos grupos en el día 1 y 30 del estudio.

- **Edad**

Los animales utilizados en esta investigación tenían una edad de 45 días al iniciar el tratamiento, basándonos en los registros de la granja.

- **Raza**

Se utilizó animales provenientes de un cruce de madres F1 york por landrace por una línea terminal duroc.

- **Muestra intestinal.**

20 gr de contenido intestinal de las unidades experimentales seleccionadas al azar.

- **Conversión alimenticia.**

Se calculó en base a la siguiente fórmula.

$$CA = \frac{\text{Consumo de alimento (Kg)}}{\text{Peso final} - \text{Peso inicial}} = \frac{\text{Kg de alimento}}{\text{Ganancia de peso}}$$

### 3.2.7 Análisis de los datos

Para el análisis de datos del siguiente estudio se estableció (estadística descriptiva) que nos ayuda al análisis de datos obtenidos del estudio “Evaluación del crecimiento de la microbiota intestinal con la adición de (*Saccharomyces cerevisiae*) y su efecto sobre la digestibilidad de nutrientes en cerdos” por lo tanto los datos fueron tomados de las unidades experimentales. Describiendo la tendencia y características de los mismos, representando los datos en forma de tablas y gráficos.

## CAPITULO IV

### 4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La metagenómica utilizada en esta investigación reporta la existencia de diferentes géneros y especies de microorganismos en la microbiota normal de los cerdos en etapa de levante, que se expresan a continuación.

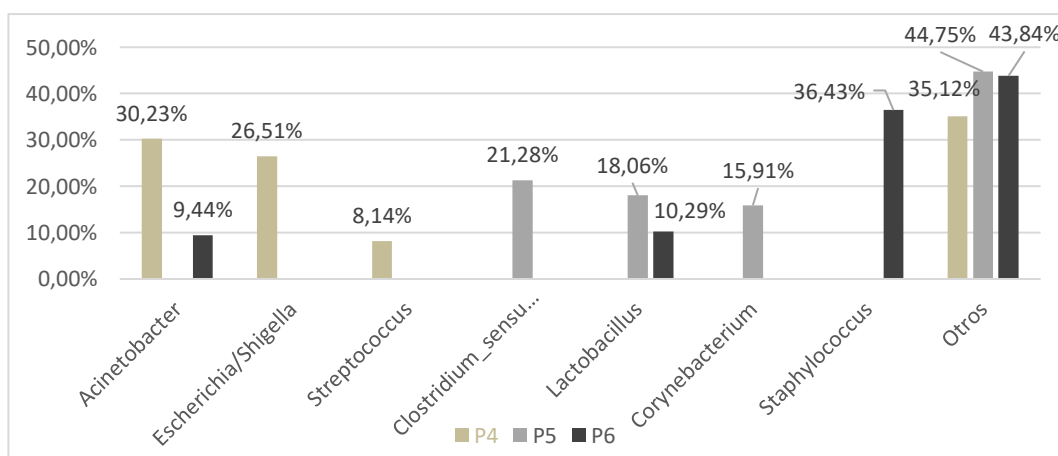
**Tabla 5**

*Principales géneros encontrados en las muestras el día 1.*

Genero	P4	P5	P6
Acinetobacter	30,23%		9,44%
Escherichia/Shigella	26,51%		
Streptococcus	8,14%		
Clostridium_sensu_stricto		21,28%	
Lactobacillus		18,06%	10,29%
Corynebacterium		15,91%	
Staphylococcus			36,43%
Otros	35,12%	44,75%	43,84%

Nota. La letra P hace referencia a porcino y el número que la acompaña es la identificación del animal.

**Figura 1** Principales géneros encontrados en las muestras el día 1 del grupo con *Saccharomyces cerevisiae*.



**Tabla 6***Principales especies encontrados en las muestras el día 1.*

<b>P4</b>	<b>ESPECIE</b>	<b>%</b>
	<i>Acinetobacter_lwoffii</i> (X81665)	26,67%
	<i>Escherichia/Shigella_dysenteriae</i> (X96966)	0,07%
	<i>Streptococcus_suis</i> (AF009477)	2,20%
	Sin clasificar a nivel de especie	54,21%
	Otros	16,85%
<b>P5</b>	<b>ESPECIE</b>	<b>%</b>
	<i>Clostridium_perfringens</i> (CP000246)	1,49%
	<i>Lactobacillus_gasseri</i> (AF519171)	5,81%
	<i>Corynebacterium_nuruki</i> (HM165487)	3,29%
	Sin clasificar a nivel de especie	63,62%
	Otros	25,79%
<b>P6</b>	<b>ESPECIE</b>	<b>%</b>
	<i>Staphylococcus_saprophyticus</i> (AP008934)	0,58%
	<i>Lactobacillus_gasseri</i> (AF519171)	0,26%
	<i>Acinetobacter_lwoffii</i> (X81665)	8,31%
	Sin clasificar a nivel de especie	76,14%
	Otros	14,71%

**Interpretación**

Al día 1 del estudio la microbiota de los cerdos presento bacterias de los géneros: *Acinetobacter* en la muestra P4 en un 30,23% y 9,44% en la muestra P6, estas son consideradas como bacterias oportunistas causantes de infecciones en el aparato urinario y respiratorio principalmente la especie *Acinetobacter\_lwoffii* presente en la muestra P4 con 26,67% y 8,31% en la muestra P6.

El género *Escherichia/Shigella* se encontró en la muestra P4 en un 26,51%, este tipo de bacterias están relacionadas con problemas intestinales como diarreas, de estas

la especie *dysenteriae* que corresponde al género *Shigella*. se encontró en una proporción de 0,07%, y es causante de una de las formas más graves de disentería esto debido a su potente toxina Shiga.

El género *Streptococcus*, se identificó en la muestra P4 en un 8,14% siendo la especie *Suis* la que se encontró en un 2,20%, este tipo de bacterias están relacionadas con endocarditis, artritis, muerte súbita, septicemia, meningitis y neumonías.

El género *Clostridium\_sensu\_stricto* estuvo presente en la muestra P5 en un 21,28%, siendo la especie *perfringens* la de mayor presencia en un 1,49% este tipo de bacterias son causantes de enteritis aguda o crónica en lechones causando la muerte rápidamente al huésped debido a que son generadoras de toxinas que producen gas.

El género *Lactobacillus* se identificó en las muestras P5 en un 18,06% y P6 en un 10,29% siendo la especie *gasseri* la que se encontró en mayor porcentaje en un 5,81% en la muestra P5 y 0,26% en la P6, a estas bacterias se le atribuyen efectos beneficiosos en el intestino de los cerdos tales como mejor digestión, absorción e inmunidad además que tiene características antibióticas debido a que produce una bacteriocina la *gassericina A* y *lactocilina*

Del género *Corynebacterium* en la muestra P5 se encontró un 15,91%, pueden ser causantes de nefritis y cistitis. La especie *nuruki* es considerada como un iniciador de la fermentación alcohólica con mayor presencia en el 3,29%.

En la muestra P6 además se encontraron bacterias del género *Staphylococcus* en un 36,43%, este grupo de bacterias son productoras de toxinas estafilocócicas, que actúan sobre la mucosa intestinal y que son responsables de las tox infecciones por enterotoxinas, la especie *saprophyticus* es la que mayor presencia tuvo en un 0,58%, la cual es considerada como un uro patógeno, además coloniza la piel y el intestino.

**Discusión:** La metagenómica realizada muestra similitud con un estudio titulado “Distribución dinámica de la microbiota intestinal en cerdos en diferentes etapas de crecimiento: composición y contribución” realizado por (Yuheng & Wen, 2022) en donde se identificaron que en la etapa de transición de la lactancia y destete, los géneros que se encontraban presentes en la microbiota intestinal del cerdo fueron

Bacteroides , Escherichia , Clostridium , Lactobacillus , Fusobacterium y Prevotella, una vez superada esta etapa se pueden encontrar 19 géneros bacterianos, incluyendo Bacteroides , Prevotella y Lactobacillus en más del 90% de los cerdos. Estos hallazgos ayudaron a establecer un perfil microbiano intestinal óptimo para evaluar el rendimiento y el estado de salud de los cerdos de distintas etapas de crecimiento con el objetivo de mejorar estos parámetros.

#### 4.1.1 Microbiota intestinal post adición de *Saccharomyces cerevisiae*.

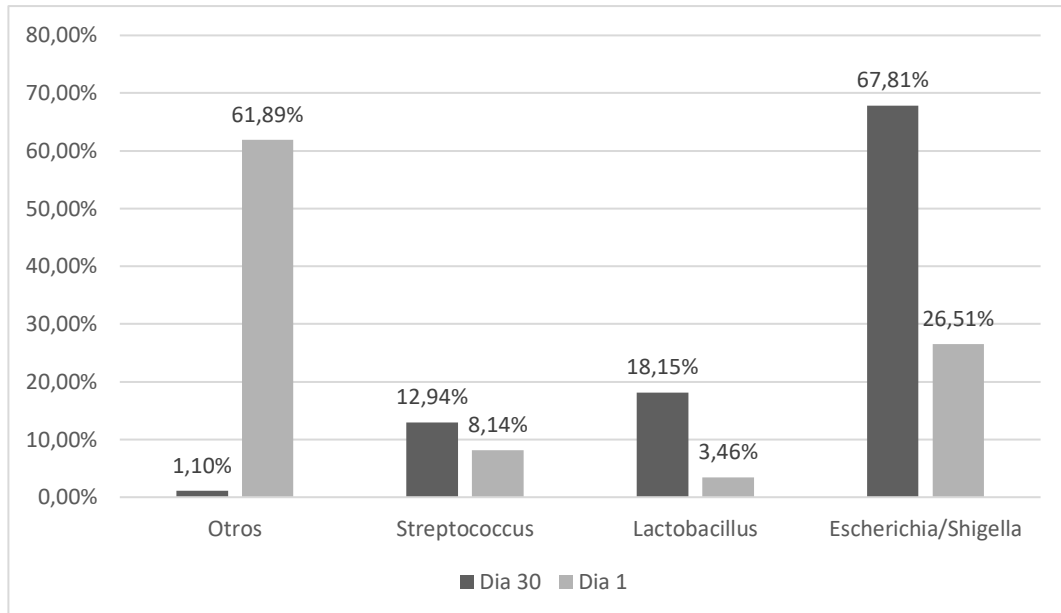
**Tabla 7**

*Principales géneros y especies encontrados al día 30 en la muestra P4.*

<b>GENERO</b>	<b>% día 1</b>	<b>% día 30</b>
<b>Escherichia/Shigella</b>	26,51%	67,81%
<b>Lactobacillus</b>	3,46 %	18,15%
<b>Streptococcus</b>	8,14%	12,94%
<b>Otros</b>	61,89%	1,1%
<b>ESPECIE</b>		
<i>Escherichia_marmotae</i> (NR_136472.1)	0,02%	0,31%
<i>Lactobacillus_gasseri</i> (AF519171)	0,15%	1,14%,
<i>Streptococcus_hyointestinalis</i> (AF201898)	0,06%	0,01%
<b>Sin clasificar a nivel de especie</b>	54,21%	97,03%
<b>Otros</b>	45,56%	1,51%

Nota: Total de categorías taxonómicas a nivel de género identificadas: 72. Esta tabla muestra las 3 principales de 72 clasificaciones.

**Figura 2** Principales géneros encontrados en la muestra P4.



Nota. La categoría "Otros" en este gráfico es la suma de todas las clasificaciones con menos del 3,50 % de abundancia.

**Interpretación.** Al día 30 la muestra P4 evidencia un incremento en las bacterias del género *Escherichia/shigella* de 26,51% en el día 1 a un 67,81%, desplazando al género *Acinetobacter* que se encontraba en un 30,23% mismo que al día 30 desaparece en su totalidad, a nivel de especie *dysenteriae* que el día 1 aparecía en un 0,07% es desplazada por la especie *marmotae* la cual tuvo un incremento pasando de 0,02% a un 0,31%.

A su vez *Escherichia/shigella* pasa a ser el género dominante y en su lugar aparece el género *Lactobacillus* que incremento de 3,46% a un 18,15%, siendo la especie *gasseri* la que se encontró en mayor proporción observándose incremento de un 0,15% a un 1,14%.

Mientras tanto el género *Streptococcus* que el día 1 estuvo presente en un 8,14%, al día 30 incremento hasta llegar a un 12,94%. Además, se observa que la especie *suis* que el día 1 tuvo un 2,20% disminuyo hasta un 0,006%, y la especie *hyointestinalis* que al día 1 tiene un 0.06% al día 30 se la encuentra en un 0.01%.

**Discusión:** En esta muestra podemos observar un alto porcentaje de bacterias del genero *Escherichia/shigella* (67,81%) el cual generalmente está asociada con problemas gastrointestinales, la microbiota de este animal experimento una disbiosis de tipo sanitaria, sin embargo también hubo un incremento de bacterias del género *Lactobacillus* que está asociado con diferentes beneficios como una mejor digestión, absorción, inmunidad e incluso protección frente a patógenos, debido a que tiene la capacidad de producir sustancias antimicrobianas como bacteriocinas y ácidos orgánicos los cuales pueden alcanzar a inhibir el crecimiento de microorganismos patógenos como manifiesta (Díez, 2023) en su estudio “Importancia y función de *Lactobacillus* en el intestino de los animales de cría industrial”.

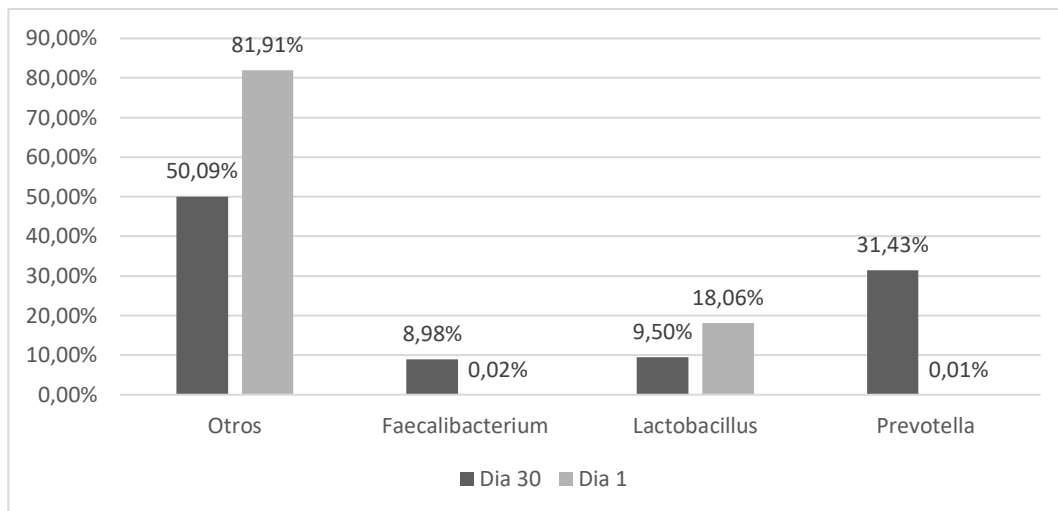
**Tabla 8**

*Principales géneros y especies encontrados al día 30 en la muestra P5.*

<b>GENERO</b>	<b>% día 1</b>	<b>% día 30</b>
<b>Prevotella</b>	0,01%	31,43%
<b>Lactobacillus</b>	18,06%	9,50%
<b>Faecalibacterium</b>	0,020%	8,98%
<b>Otros</b>	81,91%	50,09%
<b>ESPECIE</b>		
<i>Prevotella_copri</i> (AB064923)	0%	23,88%
<i>Lactobacillus_gasseri</i> (AF519171)	5,81%	1,27%
<i>Faecalibacterium_prausnitzii</i> (AJ413954)	0,02%	8,98%
<b>Sin clasificar a nivel de especie</b>	63,62%	23,22%
<b>Otros</b>	30,55%	42,65

Nota. Total, de categorías taxonómicas a nivel de género identificadas: 283. Esta tabla muestra las 3 principales de 283 clasificaciones.

**Figura 3** Principales géneros encontrados en la muestra P5



Nota. La categoría "Otros" en este gráfico es la suma de todas las clasificaciones con menos del 3,50 % de abundancia.

**Interpretación:** En la muestra P5 incrementaron bacterias del género *Prevotella* de un 0,01% a un 31,43%, presentándose la especie *copri* en un 23,88% en esta misma muestra. el género *Clostridium\_sensu\_stricto* que aparecía en un 21,28% al día 1, disminuyo hasta un 0,97% al día 30,

El género *Lactobacillus* tuvo una disminución en su porcentaje pasando de un 18,06% a un 9,50 %, siendo la especie *gasseri* la que predomina tanto el día 1 como el día 30 sin embargo esta especie también mostro una disminución pasando de un 5,81% a un 1,27%.

Además, el género *Corynebacterium* que en el día 1 aparecía en un 15,91% desaparece totalmente, en cambio el género *Faecalibacterium* el cual al día 1 presentaba un valor de 0,02% se incrementó a un 8,98% el día 30, de este género la especie que predomina es *prausnitzii* pasando de un 0,02% a un 8,98%.

**Discusión:** Esta muestra presentan similitud con un estudio realizado por (Morrillo, 2023) en donde manifiesta que la presencia e incremento de bacterias del género *Faecalibacterium* en animales que consumen una dieta rica en fibra favorece a la estimulación de la producción de butirato el cual es un potente inhibidor de la inflamación intestinal evitando problemas digestivos

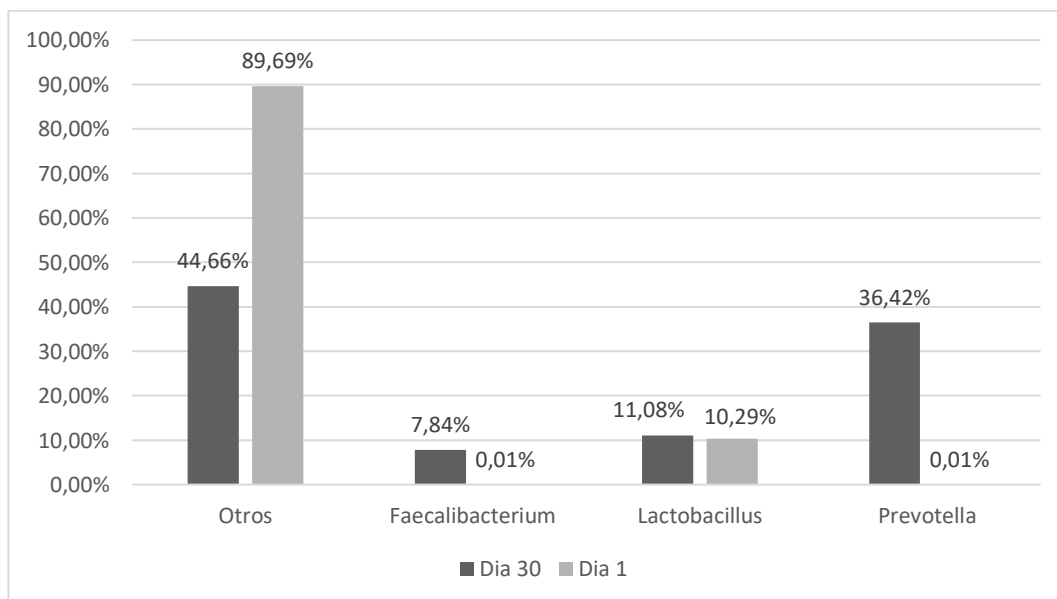
**Tabla 9**

*Principales géneros y especies encontrados al día 30 en la muestra P6.*

<b>GENERO</b>	<b>% día 1</b>	<b>% día 30</b>
<b>Prevotella</b>	0,01%	36,42%
<b>Lactobacillus</b>	10,29%	11,08%
<b>Faecalibacterium</b>	0,01%	7,84%
<b>Otros</b>	89,69%	44,66%
<b>ESPECIE</b>		
<i>Prevotella_copri</i> (AB064923)	0,002%	27,80%
<i>Lactobacillus_gasseri</i> (AF519171)	0,26%	1,55%
<i>Faecalibacterium_prausnitzii</i> (AJ413954)	0,009%	7,84%
<b>Sin clasificar a nivel de especie</b>	76,14%	21,76%
<b>Otros</b>	23,58%	41,05%

Nota. Total, de categorías taxonómicas a nivel de género identificadas: 220. Esta tabla muestra las 3 principales de 220 clasificaciones.

**Figura 4** Principales géneros encontrados en la muestra P6



Nota. La categoría "Otros" en este gráfico es la suma de todas las clasificaciones con menos del 3,50 % de abundancia.

**Interpretación:** La muestra P6 incrementó el género *Prevotella* de un 0,01% a un 36,42%, a diferencia del género *Staphylococcus* que el día 1 se lo detecto en un 36,43%. La especie *P. copri* se incrementa de un 0,002% a un 27,80%.

El género *Lactobacillus* en el día 1 en un 10,29% y al día 30 detectado en un 11,08 %, siendo la especie *gasseri* la de mayor presencia a un 1,55%.

En cuanto al género *Faecalibacterium* tuvo un aumento de un 0,01% a un 7,84% desplazando al género *Acinetobacter* que en el día 1 presentaba un valor de 9,44%, siendo la especie predominante es *prausnitzii* con un 7,84%.

**Discusión:** La microbiota intestinal de los animales que fueron expuestos a *Saccharomyces cerevisiae*, al día 30 se constituyen principalmente de bacterias del género *Prevotella*, *Escherichia/Shigella*, *Lactobacillus*, *Streptococcus* y *Faecalibacterium*, que de acuerdo a un estudio realizado por (Ramayo & Colaboradores, 2016) a 518 cerdos determinaron que animales asociados con enterotipos formados principalmente por géneros *Prevotella* y *Ruminococcus* se asociaban a un mayor peso y ganancia media diaria.

**Tabla 10**

*Diversidad de especies según el índice de Shannon de las unidades experimentales.*

Muestra	Tratamiento	Índice Día 1	Índice Día 30	Especies identificadas el día 1	Especies identificadas el día 30
P1	Sin Saccharomyces	1.091	2.984	299	357
P2	Sin Saccharomyces	0.975	0.809	302	209
P3	Sin Saccharomyces	1.186	2.998	306	420
P4	Con Saccharomyces	1.786	0.206	354	80
P5	Con Saccharomyces	1.894	3.164	457	434
P6	Con Saccharomyces	1.413	3.052	419	342

**Interpretación:** La metagenómica determino una diversidad de especies existente en las muestras de los animales, los valores que corresponden al día 1 tanto de los

animales del grupo con *Saccharomyces cerevisiae* como del grupo sin *Saccharomyces cerevisiae*, nos muestran que son relativamente similares presentando valores en el índice de Shannon por debajo de 2 por lo que son considerados como ecosistemas bajos en diversidad de especies.

Al día 30 en dos de las tres muestras P5 y P6 que corresponden a los animales que se les adiciono *Saccharomyces cerevisiae* muestran valores superiores en el índice de Shannon en comparación a los valores del día 1, teniendo así en la muestra P5 día 1 un valor de 1.894 con 457 especies identificadas mientras que en el día 30 el valor del índice incremento a 3.164 con 434 especies identificadas.

La muestra P6 que en el día 1 presento un valor de 1.413 con 419 especies identificadas, al día 30 tuvo un valor mucho más alto de 3.052 en la cual se han identificado 342 especies.

En cambio, la muestra P4 que presentaba el día 1 un valor de 1.786 y 354 especies identificadas, se observó una disminución con un valor inferior en el índice de Shannon de 0.206 con 80 especies identificadas.

**Discusión:** Según (Morillo, 2023) manifiesta que la diversidad de Shannon se expresa con un número positivo, que en la mayoría de los ecosistemas naturales varía entre 0.5 y 5, aunque su valor normal está entre 2 y 3. Valores inferiores a 2 se consideran bajos en diversidad y valores superiores a 3 son altos en diversidad de especies, lo que indicaría que tanto la muestra P6 como la P5 del día 30 correspondientes a los animales que fueron expuestos al probiótico, al tener un valor por encima de 3 son altas en diversidad de especies en relación a los valores de las muestras de control día 1 y también en relación al grupo de muestras sin *Saccharomyces cerevisiae* (P1, P2, P3 al día 0 y 30 ) a excepción de la muestra P4 que al día 30 del estudio presento un valor de 0.206 en el índice de Shannon con un total de 80 especies identificadas el cual es mucho más bajo en relación a los valores que presento al día 1 en el índice con 1.786 y un total de 354 especies identificadas lo que determina que esta muestra es baja en diversidad de especies, este valor tan inferior podría deberse a que en el día 26 del tratamiento este individuo presento una leve diarrea que podría deberse a la presencia de bacterias del género

*Escherichia/shigella* en un 67,81 %, por lo que se infiere que debido al alto porcentaje de este género de bacterias se pudo dar el desplazamiento de otros géneros y por consecuente tuvo una repercusión directa en la diversidad de especies de este individuo.

#### 4.1.2. Filogenia bacteriana

**Tabla 11**

*Principales filos encontrados en las muestras.*

<b>Muestra</b>	<b>Filo</b>	<b>% Dia 1</b>	<b>% Dia 30</b>
<b>P4</b>	Firmicutes	32,29	51,6
	Proteobacteria	59,86	23,8
	Actinobacteria	7,53	22,65
	Bacteroidetes	0,11	0,98
	Otros	0,21	0,78
<b>P5</b>	Firmicutes	78,64	57,59
	Proteobacteria	4,38	5,48
	Actinobacteria	16,77	0,16
	Bacteroidetes	0,01	35,73
	Otros	0,20	1,04
<b>P6</b>	Firmicutes	72,87	55,34
	Proteobacteria	16,74	3,02
	Actinobacteria	10,15	0,19
	Bacteroidetes	0,05	40,58
	Otros	0,19	0,87

#### **Interpretación**

La filogenia bacteriana presente en las muestras del día 1 y 30 del estudio se componen principalmente de microorganismos que pertenecen al Filum Firmicutes, Proteobacteria, Actinobacteria y Bacteroidetes presentando variabilidad en el porcentaje en cada una de las muestras. En la muestra P4 el día 1 Proteobacteria fue el filum más abundante antes del tratamiento con 59,86%, seguido por Firmicutes con 32,29%, Actinobacteria con 7,53% y Bacteroidetes con 0,11%. Al día 30 post adición de *Saccharomyces cerevisiae*, se evidencia que Firmicutes pasa a ser el Filum que más predomina pasando de un 32,29% a un 51.6%, mientras que Proteobacteria disminuyó drásticamente de un 59,86% hasta un 23,8%, y que

Actinobacteria y Bacteroidetes también aumentaron su proporción pasando de un 7,53% a un 22,65% y de 0,11% a un 0,98% respectivamente. En la muestra P5 Firmicutes fue el género que predominó tanto en el día 1 con 78,64% como en el día 30 con 57,59%, le sigue Actinobacteria que presentó un valor de 16,77% el día 1 pero que al día 30 disminuyó su porcentaje hasta un 0,16%. Proteobacteria está presente en un inicio con 4,38% teniendo un aumento al día 30 hasta un 5,48%, el Filum Bacteroidetes que al principio tuvo apenas 0,01% fue el que más incremento tuvo en su proporción con 35,73% al día 30 del estudio. En lo que corresponde a la muestra P6 Firmicutes pasó de un 72,87% a un 55,34%, Proteobacteria disminuyó de 16,74% a 3,02%, Actinobacteria también disminuyó de 10,15% a 0,19% y el filo Bacteroidetes incremento de 0,05% a 40,58%.

**Discusión:** Los filos predominantes de la microbiota de los lechones fueron Firmicutes, Proteobacteria, Actinobacteria y Bacteroidetes mostrando similitud con un trabajo realizado por (González, 2018) en el que de acuerdo a la clasificación taxonómica permitió detectar un total de 16 filum y 65 géneros en cerdos de diferentes edades (70-165 días) en el que los filum más abundantes fueron Firmicutes (50 %) y Bacteroidetes (35 %) esto nos indica que la colonización microbiana del intestino o microbiota intestinal después del parto sigue de cierta manera un patrón en cuanto a la filogenia bacteriana que es el resultado de múltiples factores como la exposición microbiana de la madre debido a que los mamíferos suelen ser inoculados al momento de pasar a través del canal de parto, la microbiota de los lechones puede verse influenciada también por bacterias procedentes de las instalaciones en este caso de las maternidades, de los pezones de sus madres e incluso de la leche materna, el uso de antibióticos, sin embargo se hace énfasis en que lo que tiene mayor impacto en el desarrollo de la microbiota intestinal del neonato son las propias heces maternas. E ahí la importancia de ofrecer las mejores condiciones que garanticen una colonización adecuada de la microbiota.

#### 4.1.3. Índice de conversión alimenticia.

**Tabla 12**

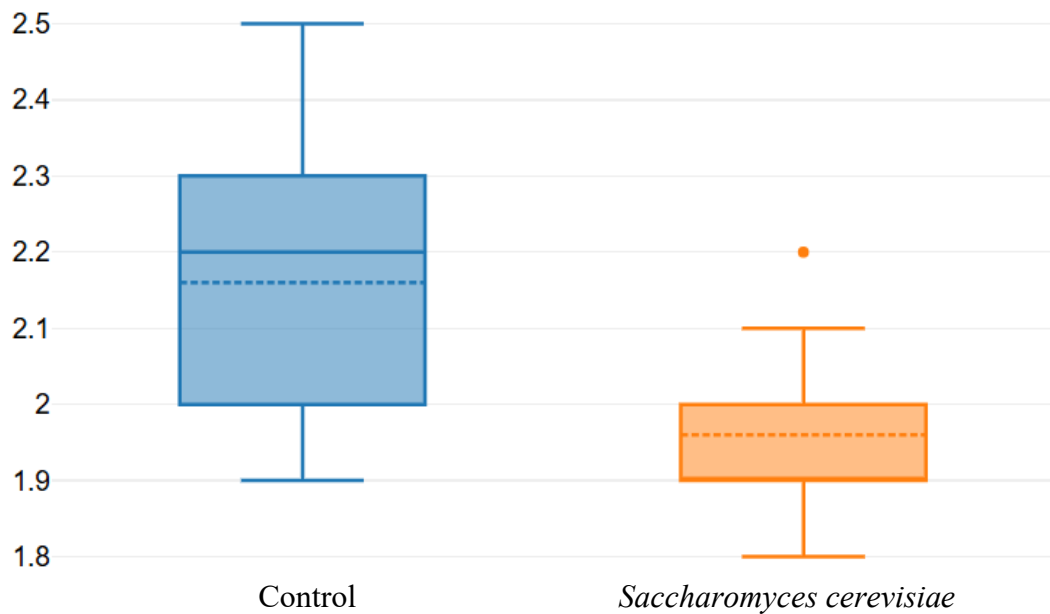
*Datos de los grupos con y sin Saccharomyces cerevisiae.*

<b>Grupo</b>	<b>Número de animales</b>	<b>Media peso inicial Kg</b>	<b>Media Peso final Kg</b>	<b>Alimento consumido Kg</b>	<b>Índice de conversión</b>
<b>Sin</b>	15	15.0	30.1	32.2	2.2
<i>Saccharomyces</i>					
<b>Con</b>	15	15.0	31.6	32.2	2.0
<i>Saccharomyces</i>					

**Interpretación:** Los animales del grupo que no se les adiciono *Saccharomyces cerevisiae* presentan un peso inicial promedio de 15 kg, peso final de 30.1 kg, consumo de 32.2 kg de alimento y un valor de 2.2 en el índice de conversión alimenticia. Mientras tanto el grupo de animales que se le adiciono *Saccharomyces cerevisiae* presento un peso inicial de 15.0 kg, peso final de 31.6 kg un consumo de 32.2 kg de alimento y un índice de conversión alimenticia grupal de 2.0.

**Discusión:** El grupo al cual se le adiciono *Saccharomyces cerevisiae* muestra un mejor índice de conversión alimenticia (2.0) en comparación al grupo que no fue expuesto al probiótico que presento un valor de 2.2 en el índice de conversión, estos resultados concuerdan con un estudio titulado “Eficiencia productiva de la inclusión de la levadura viva *Saccharomyces cerevisiae* en dietas de cerdos durante la etapa de crecimiento y acabado” realizado por (Henríquez, 2020) en cerdos de 90 días de edad con animales de línea genética de madre PIC Camborough 24 (Landrace y Yorkshire) y padre MP 427 (Pietrain y Duroc) los cuales fueron distribuidos en dos grupos cada uno de 24 animales en donde demostró que los valores en el índice de conversión alimenticia de animales que fueron suplementados con *Saccharomyces cerevisiae* presentaban mejor rendimiento tanto en los animales machos (grupo tratamiento 2.81 y control 3.61) como en las hembras (tratamiento 2.46 y control 3.23).

**Figura 5** Diferencia en el índice de conversión alimenticia



**Interpretación:**

Mediante el uso de la prueba t students se evidencio que la diferencia entre los grupos control y *Saccharomyces* con respecto a la variable dependiente fue estadísticamente significativa, ( $p = 0.002$ ) con un intervalo de confianza del 95% [0,08, 0,32]. Por lo tanto, se afirma que el grupo que se le adiciono *Saccharomyces cerevisiae* presenta un mejor índice de conversión alimenticia en comparación al grupo que no fue expuesto al probiótico. Esto se debe a los géneros encontrados en las muestras, como *Lactobacillus*, *Prevotella* y *Faecalibacterium*. Mejoraron eficientemente el desdoblamiento de proteínas y nutrientes, logrando una diferencia significativa en el grupo que se le administro *Saccharomyces cerevisiae*.

**Discusión:** La adición de *Saccharomyces cerevisiae* en la dieta mejoró notablemente la ganancia de peso de los cerdos alimentados con este probiótico en comparación con los animales del grupo control, datos que estadísticamente también presentan similitud con el estudio de (Henríquez, 2020) en donde muestra que en las mediciones de los días 115 y 140 de edad, las diferencias fueron significativas ( $p < 0.05$ ), tanto cuando se evaluaron los cerdos de sexo macho como en las hembras.

## 4.2. COMPROBACION DE LA HIPOTESIS

Una vez culminado la investigación mediante los datos obtenidos a través de la metagenómica se pudo determinar que la adición de *Saccharomyces cerevisiae* favoreció el crecimiento de la microbiota con un incremento en los siguientes géneros *Escherichia/Shigella*, *Lactobacillus*, *Streptococcus*, *Prevotella*, y *Faecalibacterium*, además por medio del índice de Shannon se observó que en dos de las tres muestras de los animales sometidos al tratamiento (P5 y P6 día 30) muestran un valor por encima de 3 en el índice lo que nos indica que son altas en diversidad de especies en relación con las muestras de control (P5 y P6 día 1), así como también en relación al grupo de muestras sin *Saccharomyces* (día 30), cumpliendo así lo planteado en la hipótesis, por lo tanto se descarta la hipótesis nula y se admite la hipótesis alterna.

## CAPITULO V

### 5. CONCLUSIONES

- Se determinó que la adición de *Saccharomyces cerevisiae* favoreció al crecimiento de varios géneros tales como Prevotella, Faecalibacterium, Escherichia/shigella, Lactobacillus y Streptococcus, también se dio el desplazamiento de géneros como Acinetobacter, Clostridium\_sensu\_stricto, Corynebacterium y Staphylococcus.
- Se identificó la filogenia bacteriana mediante metagenómica de las muestras de los animales que se utilizaron para este estudio, encontrando que los microorganismos presentes pertenecían al Fylum Firmicutes, Proteobacteria, Actinobacteria y Bacteroidetes con variaciones en su porcentaje de predominancia.
- Se determinó que mediante la adición de *Saccharomyces cerevisiae* el índice de conversión alimenticia se ve influenciado en el grupo de animales que fueron expuestos al probiótico presentando un valor grupal de 2.0 en el índice, en comparación al grupo que no fue expuesto al probiótico que presentó un valor de 2.2 en el índice de conversión evidenciando que la diferencia entre los grupos control y *Saccharomyces* con respecto a la variable dependiente fue estadísticamente significativa, ( $p = 0.002$ ).

## 5.1. RECOMENDACIONES.

- Al favorecer la proliferación de bacterias de los géneros *Lactobacillus*, *Prevotella* y *Faecalibacterium* en la microbiota intestinal de cerdos en etapa de levante se recomienda el uso y estudio de *Saccharomyces cerevisiae* en las dietas de las diferentes etapas productivas.
- Al ver la capacidad de la Metagenómica de identificar microorganismos de diferentes filos que pueden ser utilizados como biomarcadores para detectar procesos fisiológicos normales o anormales en los animales, se recomienda seguir implementando esta técnica de estudio en las diferentes áreas de la medicina veterinaria.
- Conociendo los múltiples beneficios de la adición de la *Saccharomyces cerevisiae* en la dieta de los cerdos se recomienda el estudio de la utilización de este probiótico por periodos más prolongados en las dietas de los porcinos y de otras especies.

## 6. BIBLIOGRAFÍA

- Acejias, W. (2017). Uso de la *Saccharomyces cerevisiae* en el alimento de cerdos de engorde. Obtenido de Repositorio La Molina
- Aguila, R. (2022). La incomprendida conversión alimenticia, página web, Porcicultura: México
- Arantza, M. (2021). Shigella, Erika, Seguridad vasca para la seguridad Agroalimentaria: España
- ASPE, (2017). Asociación de porcicultores del Ecuador, obtenido aspe.org.ec: Quito-Ecuador
- Biotech (2012). Introducción a la metagenómica y sus posibles aplicaciones. Biotech-Spain.com. Barcelona
- Bush, L. (2023), Infecciones por enterococos, Manual MSD- Versión profesionales, Schmidt College of Medicine, Florida Atlantic University; Florida: USA
- Campabada, C. (2009). Guía técnica para alimentación de cerdos, MAG, Gobierno de Costa Rica
- Cerezo, S. & colaboradores (2020). Resistencia antimicrobiana importancia y esfuerzos por contenerla, Gaceta médica- Scielo: México
- Constanza, L. (2015). Bacterias anaerobias: procesos que realizan y contribuyen a la sostenibilidad de la vida en el planeta, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Bogotá, Colombia.
- Díez, D. (2023). Importancia y función de *Lactobacillus* en el intestino de los animales de cría industrial. pag web: Veterinaria digital.
- Fuentes, M. (2022). *Saccharomyces cerevisiae*, vademécum, Mexican Laboratorie. México.
- Ganadería, M. d. (2022). Agricultura y ganadería. 26 de enero, Obtenido de agricultura.gob.ec: Ecuador.

- González, P. (2018). Estudio de la composición bacteriana en cerdos expuestos a dietas. Obtenido de Departament de Ciència Animal, 2 de Junio de Universitat de Lleida–Agrotecnio Center, Lleida, Catalonia, España.
- Green. E. (2018). Metagenómica. National Human genome reserch institute. USA.
- Gutiérrez. K, & colaboradores (2021). *Saccharomyces cerevisiae*: una nueva alternativa como suplemento alimenticio en el ganado. Instituto Tecnológico de Morelia. Morelia, Michoacán. México
- Henderson. H. (2021). Metagenómica 101 con Spencer Diamond, Genemica innovador. México.
- Henríquez, C. (2020). Eficiencia productiva de la inclusión de la levadura viva *Saccharomyces*. Obtenido de Repositorio.upch: Ecuador.
- Hernández, M. (2020). Aplicación de la secuenciación masiva y la bioinformática al diagnóstico microbiológico clínico, Bioinformatics of next generation sequencing in clinical microbiology diagnosis. Revista argentina de microbiologia, 150-161. Argentina.
- Hernández. L (2017). Suplementación de Levaduras en porcicultura. ¿Qué son? ¿Cómo funcionan? ¿Cuáles son sus beneficios?, Porcicultura.com, México.
- Kang,W & colaboradores,(2020). Reducción de la incidencia de *Prevotella* y otros fermentadores en la microflora intestinal de niños autistas, Instituto central lechera Asturiana para la nutricion personalizada, 14 agosto, 2020: España
- Lexus. (2018). Manual de crianza de animales. Editoriales Lexus, Arquipa: Peru
- Mag. (2024). Ecuador exporta por segunda vez carne de cerdo. Agricultura.gob.ec
- Manríquez, J. (2007). La digestibilidad como criterio de evaluación de alimentos - su aplicación en peces y en la conservación del medio ambiente; FAO.org: Fundación Chile
- Mencia. O. (2023). Estudio de la microbiota intestinal porcina – Técnicas y

aplicaciones. PorciNews. Com

Molina, A. (2019). Probióticos y su mecanismo de acción en alimentación animal. Mayo- Agosto *Agronomía Mesoamericana*. Costa Rica: Universidad de Costa Rica.

Morrillo, A. (2023). Microbiota intestinal, *REVISTA PORCINEWS* – ¿Cuál es su papel en la fermentación en el intestino porcino?:Portugal.

Naturalist, M. (2021). Microbiología Ecológica, Endobacterias; [mexico.inaturalist.org](http://mexico.inaturalist.org): México

Pérez. A. (2020). Enfoques metagenómicos en ecología microbiana: una actualización sobre los análisis de secuenciación del genoma completo y de genes marcadores. Institut Pasteur, Biologie des Bactéries Intracellulaires, París (Francia).

Pérez. R. (2014). Evaluación de la colonización del tracto digestivo de cerdos por cepas de *Lactobacillus acidophilus* y *Streptococcus termophilus*, componentes de un producto probiótico, Departamento de Medicina Preventiva, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Agraria de la Habana (UNAH), Apartado 18, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Quiñones, E. (2021). Actinobacterias del suelo como potenciales bioherbicidas, Centro de Investigación y Asistencia en Tecnología y Diseño del Estado de Jalisco A.C: Mexico.

Ramayo, Y., & Colaboradores. (2016). El análisis de redes filogenéticas aplicado a la microbiota intestinal del cerdo identifica una estructura del ecosistema vinculada con rasgos de crecimiento. *The ISME*

Ramirez, J. (2011) Bacterias lácticas: Importancia en alimentos y sus efectos sobre la salud, revista Unidad académica de medicina veterinaria y zootecnia, Universidad autónoma de Nayarit: México

Rouchey, J. & Colaboradores. (2014). Sistema digestivo del cerdo: anatomía y

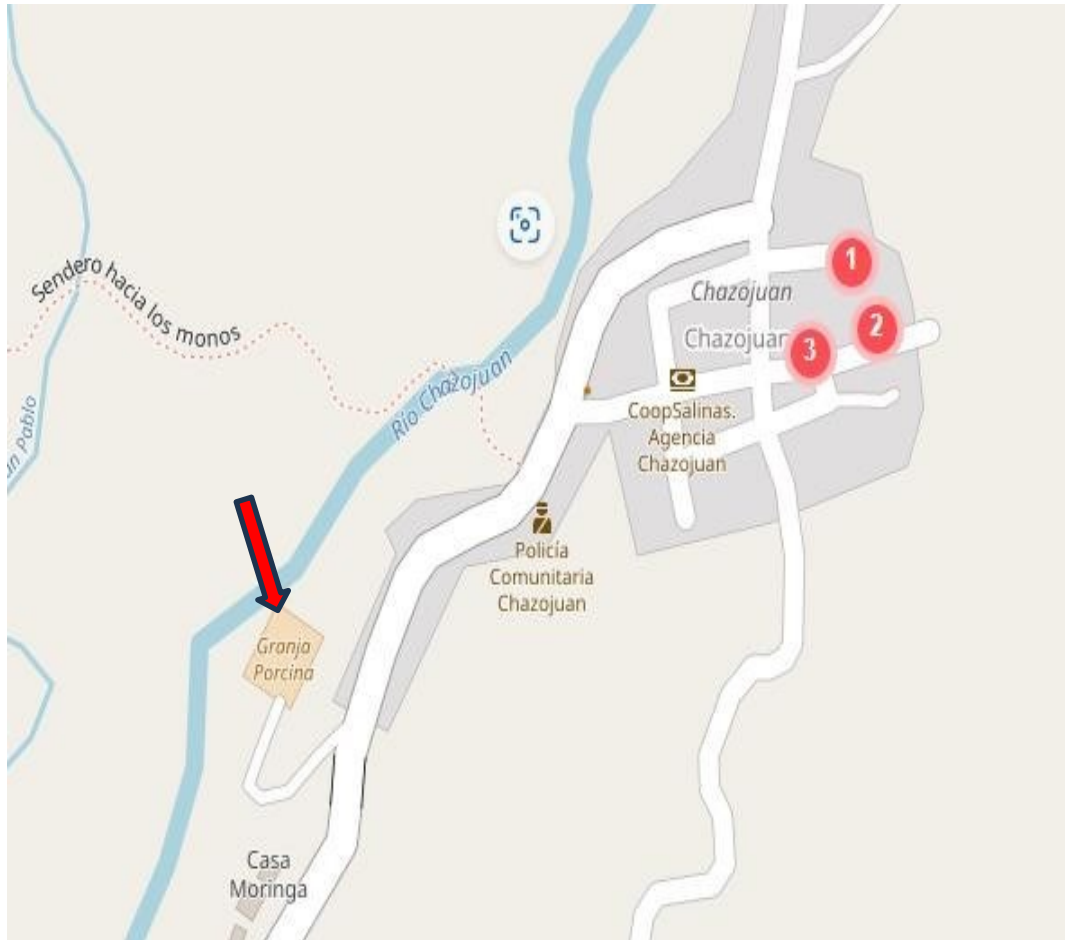
funciones, Nutrición Aplicada del Cerdo de la Universidad Estatal de Kansas: EUA.

Suárez. C. (2016). Levadura *Saccharomyces cerevisiae* y la producción de alcohol. Instituto Cubano de Investigaciones sobre los Derivados de la Caña de Azúcar (ICIDCA). La Habana, Cuba.

Valero.T, (2018). Guía nutricional e la carne, Fundación española de la nutrición: España.

**ANEXOS.**

**Anexo 1.** Mapa de ubicación de la investigación



**Anexo 2.** Croquis del proyecto



## Anexo 3. Reporte del Laboratorio

Reporte: 2320\_LIBOLIVAR\_HALDAZ  
Fecha: 24/08/2023



### REPORTE DE SECUENCIAMIENTO BIOSEQUENCE: 2320\_LIBOLIVAR\_HALDAZ

#### 1. INFORMACIÓN GENERAL

1.1 INFORMACIÓN DE CLIENTE		1.2 ANÁLISIS A REALIZAR	
Empresa:	Universidad de Bolívar	Tipo de análisis:	Diversidad Bacteriana
Tipo:	Académico	Número de muestras:	12
RUC:	0250046380	Extracción:	NO
Nombre:	Hector Aldas	Metodología:	Metagenómica de amplicones
Teléfono:	(+593) 99 265 0114	Región:	1&3; V3-V4
Dirección:	Bolívar		341F: CCTACGGGNGGGCAG
Correo:	aldas.aldas25@gmail.com		805R: GACTACGAGGCTAATCC
		Base de datos:	Bacteria, Archea, Cyanobacteria

1.3 DESCRIPCIÓN DE LAS MUESTRAS RECIBIDAS:						
FECHA: 24 de agosto de 2023						
#	BioSequence ID	Nombre de Muestra	Fuente	Volumen	Fecha de recolección	
1	2320_L109	HA7/23-1	Hecetas	-	-	NA
2	2320_L110	HA7/23-2	Hecetas	-	-	NA
3	2320_L111	HA7/23-3	Hecetas	-	-	NA
4	2320_L112	HA7/23-4	Hecetas	-	-	NA
5	2320_L113	HA7/23-5	Hecetas	-	-	NA
6	2320_L114	HA7/23-6	Hecetas	-	-	NA
7	2320_L115	HA8/23-7	Hecetas	-	-	NA
8	2320_L116	HA8/23-8	Hecetas	-	-	NA
9	2320_L117	HA8/23-9	Hecetas	-	-	NA
10	2320_L118	HA8/23-10	Hecetas	-	-	NA
11	2320_L119	HA8/23-11	Hecetas	-	-	NA
12	2320_L120	HA8/23-12	Hecetas	-	-	NA

NA = No Aplica.

Comentario: - Se reciben 12 muestras de ADN. En total 12 secuencias analizadas.

#### 2. CONTROL DE CALIDAD DE PREPARACIÓN DE LIBRERÍAS

#	BioSequence ID	3.1 ANÁLISIS DE MATERIAL GENÉTICO		3.2 PRIMERA AMPLIFICACIÓN	
		gDNA	Concentración (ng/μL)	Amplificación	Banda (bp)
1	2320_L109	OK	4,21	OK	550
2	2320_L110	Bajo	0,74	TENUE	550
3	2320_L111	OK	3,93	OK	550
4	2320_L112	OK	0,50	TENUE	550
5	2320_L113	OK	30,00	OK	550
6	2320_L114	Bajo	0,40	TENUE	550
7	2320_L115	OK	105,00	OK	550
8	2320_L116	OK	8,93	OK	550
9	2320_L117	OK	105,50	OK	550
10	2320_L118	OK	83,00	OK	550
11	2320_L119	OK	103,00	OK	550
12	2320_L120	OK	105,00	OK	550

COMENTARIO: - Se realizó la verificación del ADN genómico de las muestras mencionadas, el rendimiento de cada uno de ellos depende del tipo de sustrato y de la cantidad de organismos presentes.

**EXTRACCIÓN DE MATERIAL GENÉTICO.** - Se utiliza un kit comercial ZymoBIOMICS DNA Kit a base de columnas, diseñado para muestras de suelo, hecetas, agua, biofilms y células bacterianas/hongos. El objetivo del proceso de extracción es obtener el ADN total presente de la muestra, lo que comprende material genético de bacterias (incluyendo endosporas), hongos, protozoos, algas, virus, mitocondrias, y también del hospedero. Durante el procesamiento, se busca excluir el ADN del huésped; sin embargo, el nivel de contaminación final por este elemento será dependiente de la proveniencia de las muestras. Para más información consulte con el asesor correspondiente.



Realizado por: JB

☎ 096 002 4672 • ✉ atencióncliente@biosequenceec.com • 📍 Checoslovaquia y Eloy Alfaro - Quito - Ecuador

## Anexo 4. Reporte de secuenciamiento

Reporte: 2320\_UBQUIVAR\_HALDAZ  
Fecha: 24/08/2023



### REPORTE DE SECUENCIAMIENTO BIOSEQUENCE: 2320\_UBQUIVAR\_HALDAZ

**AMPLIFICACIÓN PCR.** - Se amplificó las regiones de interés utilizando el ADN genómico extraído de cada muestra. Se utilizaron primers específicos acorde a las necesidades establecidas en la hoja de registro de muestras 2320\_UBQUIVAR\_HALDAZ. Con este paso identificamos la presencia o ausencia de los microorganismos de nuestro interés. De igual forma, se realiza el primer lavado usando perlas magnéticas para purificar el amplión 1&S, V3-V4 de primers libres y especies de dímeros de primers.

#	BioSequence ID	3.3 SEGUNDA AMPLIFICACIÓN		
		Índice	Banda (bp)	Concentración (ng/ul)
1	2320_1.109	N703-A	3303-B	606
2	2320_1.110	N703-A	3303-B	606
3	2320_1.111	N703-A	3303-B	606
4	2320_1.112	N703-A	3304-B	606
5	2320_1.113	N703-A	3307-B	606
6	2320_1.114	N703-A	3308-B	606
7	2320_1.115	N721-A	3310-B	606
8	2320_1.116	N721-A	3311-B	606
9	2320_1.117	N704-A	3303-B	606
10	2320_1.118	N704-A	3303-B	606
11	2320_1.119	N704-A	3303-B	606
12	2320_1.120	N704-A	3304-B	606

**INDEX PCR.** - Este proceso se conoce como la preparación de librerías y consiste en la adición de índices en cada extremo de los amplicones anteriormente obtenidos. Los índices son secuencias únicas que se asignan a todos los amplicones de una misma muestra para poder distinguirlas de los amplicones de otras muestras, lo que permite secuenciar múltiples muestras en paralelo y obtener datos independientes para cada una. Se realiza el segundo lavado usando perlas magnéticas para limpiar la biblioteca final. Finalmente, las librerías purificadas son cuantificadas y cualificadas para determinar su idoneidad para ser secuenciadas.

#### 4. ANÁLISIS DE RESULTADOS DE SECUENCIACIÓN

#	BioSequence ID	Lecturas	Índice de diversidad de especies de Shannon	Número de especies identificadas
1	2320_1.109	38,817	1.186	304
2	2320_1.110	44,34	0.975	302
3	2320_1.111	43,275	1.091	299
4	2320_1.112	38,748	1.786	354
5	2320_1.113	64,545	1.894	407
6	2320_1.114	43,869	1.413	419
7	2320_1.115	37,971	2.998	420
8	2320_1.116	46,645	0.809	289
9	2320_1.117	30,783	2.784	327
10	2320_1.118	31,532	0.206	80
11	2320_1.119	61,825	3.164	434
12	2320_1.120	43,471	3.052	342

**ANÁLISIS DE DIVERSIDAD.** - Los archivos Fastq, son sometidos a un proceso de calidad y filtrado para garantizar la clasificación taxonómica. Para la clasificación taxonómica se utiliza una implementación de un algoritmo de alto rendimiento del clasificador Ribosomal Database Project (RDP) descrito en Wang Q. et al et al (<http://dx.doi.org/10.1128%2FJFEM.00043-07>). La base de datos utilizada es RefSeq RDP 1&S v3, basada en un conjunto de archivos FASTA de: <https://benjweb.github.io/dada2/training.html>. Secuencias del gen 1&S rRNA con formato DADA2 para bacterias y arqueas (Versión 2).

Acceda al análisis y datos crudos en el siguiente vínculo: <https://basespace.illumina.com/s/02JRDvgyHvb>

Es necesario poseer una cuenta en la plataforma BaseSpace (Illumina) para poder acceder a los datos. De no contar con una cuenta personal, realice el registro como usuario nuevo.

Realizado por: JB



☎ 096 002 4672 • [atencioncliente@biosequence.com](mailto:atencioncliente@biosequence.com) • Checosdovajula y Elvy Alfaro | Quito - Ecuador



**REPORTE DE SECUENCIAMIENTO BIOSEQUENCE: 2320\_UBOLIVAR\_HALDAZ**

**Nota:** Toda la información que se presenta en este informe es de propiedad del cliente. BioSequence Ecuador mantiene **temporalmente** dicha información en la cuenta Base Space (Illumina) de su propiedad hasta que se haga la transferencia de los datos a la cuenta del cliente. Posterior a dicho evento BioSequence no tendrá acceso alguno a la información provista.

Atentamente,



LUIS FELIPE URETA

Luis Felipe Ureta

Ingeniero en Biotecnología

**BIOSEQUENCE S.A.S**



Realizado por: JB

☎ 056-002 4672 ✉ [atencioncliente@biosequenceec.com](mailto:atencioncliente@biosequenceec.com) 📍 Checoslovaquia y Elv Afaro - Quito - Ecuador

## Anexo 5. Información de muestras

16S Metagenomics Aggregate Report



### Sample Information

Sample Number	Sample ID	Number Reads PF	% Reads Classified to Genus
1	HA8-23-12	43471	96.00 %
2	HA8-23-11	61825	95.12 %
3	HA8-23-10	31532	99.68 %
4	HA8-23-9	30783	95.67 %
5	HA8-23-8	46645	98.17 %
6	HA8-23-7	37971	94.60 %
7	HA7-23-6	43869	99.15 %
8	HA7-23-5	64545	97.99 %
9	HA7-23-4	38748	99.14 %
10	HA7-23-3	45275	84.64 %
11	HA7-23-2	44240	98.83 %
12	HA7-23-1	38817	99.43 %

## Anexo 6. Resultados de diversidad de especies

16S Metagenomics Aggregate Report




### Species Diversity Results

Shannon Species Diversity measures the entropy of Species-level classifications in the sample. See [http://http://en.wikipedia.org/wiki/Shannon-Wiener\\_index](http://http://en.wikipedia.org/wiki/Shannon-Wiener_index) for more information.

Sample Number	Sample ID	Shannon Species Diversity	Number of Species Identified
1	HA8-23-12	3.052	342
2	HA8-23-11	3.164	434
3	HA8-23-10	0.206	80
4	HA8-23-9	2.984	357
5	HA8-23-8	0.809	209
6	HA8-23-7	2.998	420
7	HA7-23-6	1.413	419
8	HA7-23-5	1.894	457
9	HA7-23-4	1.786	354
10	HA7-23-3	1.091	299
11	HA7-23-2	0.975	302
12	HA7-23-1	1.186	306

## Anexo 7. Certificado de pureza de *Saccharomyces cerevisiae*.

TECHNICAL DATA SHEET - SafAle™ S-33 - Rev:  
MARCH 2018 - Page 1/2



**D**

General purpose ale yeast with neutral flavor profiles. Its low attenuation gives beers with a very good length on the palate. Particularly recommended for specialty ales and trappist type beers. Yeast with a medium sedimentation: forms no clumps but a powdery haze when resuspended in the beer.

**INGREDIENTS:** Yeast (*Saccharomyces cerevisiae*), emulsifier E491


TOTAL ESTERS	TOTAL SUPERIOR ALCOHOLS	RESIDUAL SUGARS	FLOCCULATION	SEDIMENTATION
27	209	25 g/l*	-	medium
<small>ppm at 18°F at 20°C in GC tubes</small>	<small>ppm at 18°F at 20°C in GC tubes</small>	<small>*13g maltotriose, corresponding to an apparent attenuation of 70%</small>		

Fermentis dry brewing yeasts are well known for their ability to produce a large variety of beer styles. In order to compare our strains, we ran fermentation trials in laboratory conditions with a standard wort for all the strains and standard temperature conditions (SafLager: 12°C for 48h then 14°C / SafAle: 20°C). We focused on the following parameters: Alcohol production, residual sugars, flocculation and fermentation kinetic.

Given the impact of yeast of the quality of the final beer it is recommended to respect the recommended fermentation instructions. We strongly advise users to make fermentation trials before any commercial usage of our products.

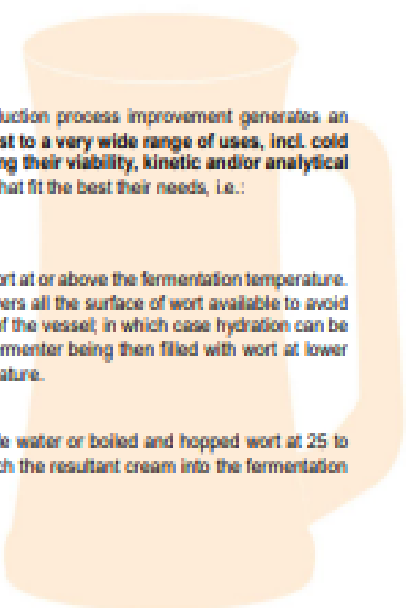
**FERMENTATION:** Ideally 15-20°C (59-68°F)

**PITCHING:**

 Lesaffre know-how and continuous yeast production process improvement generates an exceptional quality of dry yeasts able to resist to a very wide range of uses, incl. cold or no rehydration conditions, without affecting their viability, kinetic and/or analytical profile. Brewers can choose usage conditions that fit the best their needs, i.e.:

- **Direct Pitching**  
Pitch the yeast directly in the fermentation vessel on the surface of the wort at or above the fermentation temperature. Progressively sprinkle the dry yeast into the wort ensuring the yeast covers all the surface of wort available to avoid clumps. Ideally, the yeast will be added during the first part of the filling of the vessel; in which case hydration can be done at wort temperature higher than fermentation temperature, the fermenter being then filled with wort at lower temperature to bring the entire wort temperature at fermentation temperature.
- **With prior rehydration**  
Alternatively, sprinkle the yeast in minimum 10 times its weight of sterile water or boiled and hopped wort at 25 to 29°C (77°F to 84°F). Leave to rest 15 to 30 minutes, gently stir and pitch the resultant cream into the fermentation vessel.

**DOSAGE:**  
50 to 80 g/hl in primary fermentation.



The obvious choice for beverage fermentation 

Fermentis Division of S.L. Lesaffre - BP 3029 - 137 Rue Gabriel Péri - 58700 Neçoy-en-Bezeval. Cedex - FRANCE - Tel. +33 (0)3 20 81 62 75 - Fax. +33 (0)3 20 81 62 70 - [www.fermentis.com](http://www.fermentis.com)

## Anexo 8. Base de datos de la muestra P4 día 1

Kingdom	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	num_hits	%_hits
Unclassified		6	0.015					
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Moraxellace	Acinetobacter	Acinetobacter_lwoffii(X81665)	10333	26.667
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Escherichia/Shigella		10226	26.391
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Enterococcae	Enterococcus		2305	5.949
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Staphylococci	Staphylococcus		2300	5.936
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium		1401	3.616
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus		1202	3.102
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Streptococcae	Streptococcus		900	2.323
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Streptococcae	Streptococcus	Streptococcus_suis(AF009477)	853	2.201
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Streptococcae	Streptococcus	Streptococcus_porcorum(FN643224)	707	1.825
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Moraxellace	Acinetobacter		547	1.412
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Streptococcae	Streptococcus	Streptococcus_sp.(AB936273)	481	1.241
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Aerococcace	Aerococcus		407	1.050
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium	Corynebacterium_nuruki(HM165487)	404	1.043
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Moraxellace	Acinetobacter	Acinetobacter_albensis(NR_145641.1)	378	0.976
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiace	Clostridium_sensu_stricto		330	0.852
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Aeromonada	Aeromonada	Aeromonas		263	0.679
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Enterococcae	Enterococcus	Enterococcus_asini(Y11621)	243	0.627
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcae	Gemmiger	Gemmiger_formicilis(GU562446)	236	0.609
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Moraxellace	Acinetobacter	Acinetobacter_bouvetii(NR_117628.1)	191	0.493
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostrept	Terrisporobacter		163	0.421
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Aerococcace	Ignavigranum	Ignavigranum_ruoffiae(Y16426)	158	0.408
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Citrobacter	Citrobacter_werkmanii(AF025373)	154	0.397
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Staphylococci	Staphylococcus	Staphylococcus_saprophyticus(AP008934)	153	0.395
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_wexlerae(EF036467)	146	0.377
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Micrococcace	Nesterenkonia	Nesterenkonia_halophila(AY820953)	145	0.374
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Pseudomon	Pseudomonas		145	0.374
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Micrococcace	Kocuria	Kocuria_palustris(Y16263)	122	0.315
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Enterococcae	Enterococcus	Enterococcus_thailandicus(EF197994)	108	0.279
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Staphylococci	Staphylococcus	Staphylococcus_arlettae(AB009933)	108	0.279
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Pseudomon	Pseudomonas	Pseudomonas_xanthomarina(AB176954)	106	0.274
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Moraxellace	Acinetobacter	Acinetobacter_schindleri(AJ278311)	106	0.274
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte		101	0.261	
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_obeum(X85101)	98	0.253
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Moraxellace	Acinetobacter	Acinetobacter_johnsonii(Z93440)	83	0.214
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Streptococcae	Streptococcus	Streptococcus_ferus(AY058218)	82	0.212
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Micrococcace	Nesterenkonia		70	0.181
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotric	Erysipelotric	Erysipelotric	Holdemanella	Eubacterium_biforme(M59230)	61	0.157
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Ruminococcus2	Ruminococcus_lactaris(L76602)	60	0.155
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_gasseri(AF519171)	59	0.152
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium	Corynebacterium_tapiri(NR_145582.1)	57	0.147
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Ruminococcus2	Ruminococcus_faecis(FJ611794)	52	0.134
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium	Corynebacterium_casei(NR_122062.1)	52	0.134
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium	Corynebacterium_doosanense(EU998655)	48	0.124
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium	Corynebacterium_testudinoris(AJ295841)	46	0.119
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Lachnospiracea_incertae_se	Eubacterium_hallii(L34621)	40	0.103
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium	Corynebacterium_glycinophilum(CP00684)	38	0.098
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Streptococcae	Streptococcus	Streptococcus_caballi(EF364098)	38	0.098
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Micrococcace	Rothia	Rothia_endophytica(KC806052)	37	0.095

## Anexo 9. Base de datos de la muestra P4 día 30

Kingdom	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	num_hits	%_hits
Unclassified							2	0.006
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Escherichia/Shigella		21236	67.347
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus		5048	16.009
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Streptococca	Streptococcus		4069	12.904
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_gasseri(AF519171)	361	1.145
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_mucosae(AF126738)	165	0.523
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Escherichia/Shigella	Escherichia_marmotae(NR_136472.1)	98	0.311
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacteriaceae			66	0.209
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto		42	0.133
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_johnsonii(AJ002515)	37	0.117
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Escherichia/Shigella	Escherichia/Shigella_dysenteriae(X96966)	30	0.095
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_ruminis(AB326354)	28	0.089
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Cronobacter		23	0.073
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_delbrueckii(CR954253)	23	0.073
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_salivarius(AF089108)	20	0.063
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomonas	Pseudomonas	Pseudomonas	Pseudomonas_libanensis(AF057645)	18	0.057
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Escherichia/Shigella	Pectobacterium_carotovorum(NR_116341.1)	17	0.054
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomonas	Pseudomonas	Pseudomonas		11	0.035
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Enterococcae	Enterococcus		11	0.035
Bacteria							10	0.032
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_kitasatonis(AB107638)	10	0.032
Bacteria	Tenericutes	Mollicutes	Mycoplasma	Mycoplasma	Mycoplasma	Mycoplasma_sualvi(AF412988)	7	0.022
Bacteria	Proteobacte	Gammaproteobacteria					6	0.019
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_oris(X94229)	5	0.016
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Erwinia	Erwinia_iniecta(NR_137333.1)	5	0.016
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Photorhabdus	Photorhabdus_sp.(HQ142626)	5	0.016
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Citrobacter		5	0.016
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_taiwanensis(EU487512)	4	0.013
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Enterobacter		4	0.013
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Chromatiales	Chromatiaceae	Thiolamprovum	Thiolamprovum_pedioforme(Y12297)	4	0.013
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Streptococcae	Streptococcus	Streptococcus_hyointestinalis(AF201898)	4	0.013
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto	Clostridium_quinii(X76745)	4	0.013
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotric	Erysipelotric	Erysipelotric	Turcibacter	Turcibacter_sanguinis(AF349724)	4	0.013
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellaceae	Prevotella	Prevotella_copri(AB064923)	4	0.013
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Siccibacter	Siccibacter_turicensis(DQ273681)	3	0.010
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Staphylococci	Staphylococcus		3	0.010
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_reuteri(NR_119069.1)	3	0.010
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_helveticus(AM113779)	3	0.010
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Kosakonia		3	0.010
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_hominis(FR681902)	3	0.010
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Streptococcae	Streptococcus	Streptococcus_constellatus(JN787160)	3	0.010
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Pantoea	Pantoea_dispersa(NR_116797.1)	3	0.010
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Xenorhabdus	Xenorhabdus_jshibashii(GQ149086)	3	0.010
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacilla	Lactobacillus	Lactobacillus_vaginalis(AF243177)	3	0.010
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Budvicia		2	0.006
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Chromatiales	Chromatiaceae			2	0.006
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Streptococcae	Lactococcus		2	0.006
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Aeromonadae	Aeromonadae	Aeromonas		2	0.006
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacilla	Lactobacillaceae			2	0.006

## Anexo 10. Base de datos de la muestra P5 día 1

Kingdom	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	num_hits	%_hits
Unclassified		6 0.009						
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto		11550	17.894
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococci	Terrisporobacter		7936	12.295
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus		6768	10.486
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Corynebacteriaceae	Corynebacterium		6760	10.473
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus	Lactobacillus_gasseri(AF519171)	3751	5.811
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococci	Romboutsia	Romboutsia_timonensis(NR_144740.1)	2646	4.099
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Enterococcaceae	Enterococcus	Enterococcus_eurekensis(AF445305)	2628	4.072
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Corynebacteriaceae	Corynebacterium	Corynebacterium_nuruki(HM165487)	2127	3.295
Bacteria	Proteobacteria	Gamma proteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	Escherichia/Shigella		1898	2.941
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Enterococcaceae	Enterococcus	Enterococcus_asini(Y11621)	1282	1.986
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Staphylococcaceae	Jeotgalicoccus		1126	1.745
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus		1035	1.604
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Enterococcaceae	Enterococcus		1031	1.597
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto	Clostridium_perfringens(CP000246)	963	1.492
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Enterococcaceae	Vagococcus	Vagococcus_fluviialis(Y18098)	952	1.475
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococci	Intestinibacter	Clostridium_bartlettii(AY438672)	836	1.295
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus	Lactobacillus_johnsonii(AJ002515)	783	1.213
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto	Clostridium_quinii(X76745)	683	1.058
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococci		659	1.021	
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	Aerococcus		648	1.004
Bacteria	Proteobacteria	Gamma proteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	Acinetobacter	Acinetobacter_lwoffii(X81665)	526	0.815
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotricaceae	Erysipelotricales	Erysipelotricaceae	Turicibacter	Turicibacter_sanguinis(AF349724)	446	0.691
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Corynebacteriaceae	Corynebacterium	Corynebacterium_stationis(FJ172667)	383	0.593
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	Clostridium_sensu_stricto	Clostridium_tertium(Y18174)	351	0.544
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Corynebacteriaceae	Corynebacterium	Corynebacterium_glycinophilum(CP006)	343	0.531
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Staphylococcaceae	Staphylococcus		309	0.479
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	Blautia_wexlerae(EF036467)	298	0.462
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Corynebacteriaceae	Corynebacterium	Corynebacterium_casei(NR_122062.1)	250	0.387
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	Blautia_luti(AJ133124)	197	0.305
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus	Lactobacillus_reuteri(NR_119069.1)	144	0.223
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococci	Romboutsia		139	0.215
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Enterococcaceae	Enterococcus	Enterococcus_alcedinis(JX948102)	134	0.208
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Butyrivibrio	Butyrivibrio_pulliaecorum(EU410376)	116	0.180
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	Jeotgalibaca	Jeotgalibaca_dankookensis(GU317945)	116	0.180
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales			110 0.170		
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	Facklamia	Facklamia_tabacinasalis(Y17820)	107	0.166
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae	Gemmiger	Gemmiger_formicilis(GU562446)	106	0.164
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Lachnospiraceae_incertae_sedis	Eubacterium_hallii(L34621)	100	0.155
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Corynebacteriaceae	Corynebacterium	Corynebacterium_sphenisci(AJ440964)	98	0.152
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Ruminococcus2	Ruminococcus_lactaris(L76602)	97	0.150
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Corynebacteriaceae	Corynebacterium	Corynebacterium_glutamicum(AF31419)	92	0.143
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae	Blautia	Blautia_obeum(X85101)	89	0.138
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Enterococcaceae	Enterococcus	Enterococcus_thailandicus(EF197994)	88	0.136
Bacteria		87 0.135						
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micrococcaceae	Rothia	Rothia_endophytica(KC806052)	87	0.135
Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Micrococcaceae	Kocuria	Kocuria_palustris(Y16263)	79	0.122
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales			74 0.115		
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostreptococci	Peptostreptococcus	Peptostreptococcus_russellii(AY167952)	74	0.115

## Anexo 11. Base de datos de la muestra P5 día 30

Kingdom	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	num_hits	%_hits
Unclassified							1	0.002
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_copri(AB064923)	14762	23.877
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Faecalibacterium	Faecalibacterium_prausnitzii(AJ413954)	5552	8.980
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Lactobacillac	Lactobacillus		4570	7.392
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_stercorea(AB244774)	1756	2.840
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Roseburia	Roseburia_faecis(AY305310)	1622	2.624
Bacteria	Firmicutes	Negativicute	Selenomona	Veillonellac	Megasphaera	Megasphaera_elsdenii(NR_102980.1)	1583	2.560
Bacteria	Proteobacte	Epsilonprote	Campylobac	Campylobac	Campylobacter		1450	2.345
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Alloprevotella	Prevotellamassilia_timonensis(NR_144750.1)	1324	2.142
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Butyricoccus	Butyricoccus_pullicaeorum(EU410376)	1172	1.896
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Gemmiger	Gemmiger_formicilis(GU562446)	1104	1.786
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospiraceae			911	1.474
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Catabacteria	Catabacter	Catabacter_hongkongensis(AY574991)	879	1.422
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Intestinimonas	Flintibacter_butyricus(NR_144611.1)	870	1.407
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_luti(AJ133124)	825	1.334
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Lactobacillac	Lactobacillus	Lactobacillus_gasseri(AF519171)	787	1.273
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Oscillibacter		730	1.181
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella		690	1.116
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriace	Eubacterium	Eubacterium_coprostanoligenes(HM037995)	649	1.050
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_oralis(AY323522)	627	1.014
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococcaceae			625	1.011
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiace	Clostridium_sensu_stricto		604	0.977
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_obeum(X85101)	560	0.906
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Coproccoccus	Coproccoccus_catus(AB038359)	545	0.882
Bacteria	Proteobacte	Epsilonprote	Campylobac	Helicobacter	Helicobacter	Helicobacter_equorum(DQ307735)	514	0.831
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales				511	0.827
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostrept	Terrisporobacter		406	0.657
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriace	Eubacterium	Emergencia_timonensis(NR_144737.1)	382	0.618
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_wexlerae(EF036467)	376	0.608
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostrept	Intestinibacter	Clostridium_bartlettii(AY438672)	361	0.584
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Streptococcc	Streptococcus		356	0.576
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia		328	0.531
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Eisenbergiella		322	0.521
Bacteria	Proteobacte	Deltaproteo	Desulfovibri	Desulfovibri	Desulfovibrio	Desulfovibrio_piger(AF192152)	311	0.503
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Lachnospiraceae_i	Eubacterium_hallii(L34621)	302	0.488
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_salivae(AB108826)	270	0.437
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Dorea	Dorea_longicatena(AJ132842)	264	0.427
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_multisaccharivorax(AB200414)	259	0.419
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_dentasini(AB477014)	245	0.396
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Oscillibacter	Oscillibacter_valericigenes(AB238598)	235	0.380
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_faecis(HM626178)	228	0.369
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Clostridium_XIVa		222	0.359
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiace	Alkaliphilus		216	0.349
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriace	Eubacterium	Eubacterium_desmolans(L34618)	207	0.335
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Oribacterium		201	0.325
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Aeromonad	Succinivibri	Succinivibrio	Succinivibrio_dextrinosolvens(Y17600)	194	0.314
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Lachnospira	Lachnospira_multipara(FR733699)	176	0.285
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Saccharoferment	Saccharofermentans_acetigenes(AY949857)	176	0.285
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_brevis(AJ011682)	174	0.281

## Anexo 12. Base de datos de la muestra P6 día 1

Kingdom	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	num_hits	%_hits
Unclassified		4 0.009						
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Staphylococ	Staphylococcus		15422	35.155
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Lactobacillac	Lactobacillus		4098	9.341
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Moraxellace	Acinetobacter	Acinetobacter_lwoffii(X81665)	3646	8.311
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Enterobacte	Enterobacte	Escherichia/Shigella		2936	6.693
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium		2773	6.321
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Enterococca	Enterococcus		2008	4.577
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Aerococcace	Aerococcus		1786	4.071
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiace	Clostridium_sensu_stricto		1604	3.656
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Streptococca	Streptococcus		1132	2.580
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococca	Gemmiger	Gemmiger_formicilis(GU562446)	437	0.996
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostrept	Terrisporobacter		372	0.848
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_wexlerae(EF036467)	312	0.711
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium	Corynebacterium_nuruki(HM165487)	268	0.611
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Staphylococ	Staphylococcus	Staphylococcus_saprophyticus(AP008934)	257	0.586
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_obeum(X85101)	231	0.527
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Streptococca	Streptococcus	Streptococcus_suis(AF009477)	230	0.524
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Staphylococ	Staphylococcus	Staphylococcus_arlettae(AB009933)	189	0.431
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Ruminococcus2	Ruminococcus_lactaris(L76602)	186	0.424
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Moraxellace	Acinetobacter	Acinetobacter_johnsonii(Z93440)	177	0.403
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Micrococcae	Kocuria	Kocuria_palustris(Y16263)	168	0.383
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Moraxellace	Acinetobacter		159	0.362
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Dermabacte	Brachybacterium		147	0.335
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotric	Erysipelotric	Erysipelotric	Faecalitalea	Eubacterium_cylindroides(L34617)	142	0.324
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Lachnospiracea_incertae_s	Eubacterium_hallii(L34621)	126	0.287
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococca	Butyricoccus	Butyricoccus_pullicaecorum(EU410376)	121	0.276
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotric	Erysipelotric	Erysipelotric	Holdemania	Eubacterium_biforme(M59230)	116	0.264
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Lactobacillac	Lactobacillus	Lactobacillus_gasseri(AF519171)	114	0.260
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Coriobacteri	Coriobacteri	Collinsella	Collinsella_aerofaciens(NR_113316.1)	113	0.258
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium	Corynebacterium_tapiri(NR_145582.1)	112	0.255
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Streptococca	Streptococcus	Streptococcus_sp.(AB936273)	100	0.228
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium	Corynebacterium_stationis(FJ172667)	97	0.221
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_luti(AJ133124)	95	0.217
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Staphylococ	Jeotgaliococcus		94	0.214
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Enterococca	Enterococcus	Enterococcus_asini(Y11621)	90	0.205
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiace	Clostridium_sensu_stricto	Clostridium_sp.(JQ388596)	90	0.205
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Enterococca	Enterococcus	Enterococcus_faecalis(AB012212)	88	0.201
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotric	Erysipelotric	Erysipelotric	Bulleidia	Bulleidia_extracta(AF220064)	88	0.201
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostrept	Intestinibacter	Clostridium_bartlettii(AY438672)	87	0.198
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotric	Erysipelotric	Erysipelotric	Catenibacterium	Catenibacterium_mitsuokai(AB030224)	82	0.187
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Corynebacte	Corynebacterium	Corynebacterium_casei(NR_122062.1)	81	0.185
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Lactobacillac	Lactobacillus	Lactobacillus_salivarius(AF089108)	78	0.178
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Coriobacteri	Coriobacteri	Collinsella	Collinsella_tanakaei(AB490807)	77	0.176
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia		73	0.166
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Enterococca	Vagococcus	Vagococcus_fluvialis(Y18098)	72	0.164
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotric	Erysipelotric	Erysipelotric	Kandleria	Kandleria_vitulina(AB210825)	68	0.155
Bacteria	Actinobacter	Actinobacter	Actinomycet	Brevibacteri	Brevibacterium		67	0.153
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Pseudomon	Moraxellace	Acinetobacter	Acinetobacter_albensis(NR_145641.1)	66	0.150
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Coprococcus	Coprococcus_comes(EF031542)	66	0.150

### Anexo 13. Base de datos de la muestra P6 día 30.

Kingdom	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	num_hits	%_hits
Unclassified		6 0.014						
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_copri(AB064923)	12085	27.800
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Lactobacillac	Lactobacillus		3734	8.590
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Faecalibacterium	Faecalibacterium_prausnitzii(AJ413954)	3408	7.840
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Roseburia	Roseburia_faecis(AY305310)	1388	3.193
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_stercorea(AB244774)	1332	3.064
Bacteria	Firmicutes	Negativicute	Selenomona	Veillonellac	Megasphaera	Megasphaera_elsdenii(NR_102980.1)	1081	2.487
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Alloprevotella	Prevotellamassilia_timonensis(NR_144750.1)	999	2.298
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac		700	1.610	
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Gemmiger	Gemmiger_formicilis(GU562446)	696	1.601
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Lactobacillac	Lactobacillus	Lactobacillus_gasseri(AF519171)	676	1.555
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Butyricoccus	Butyricoccus_pullicaecorum(EU410376)	660	1.518
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_oralis(AY323522)	632	1.454
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_luti(AJ133124)	622	1.431
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Catabacteri	Catabacter	Catabacter_hongkongensis(AY574991)	617	1.419
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiace	Clostridium_sensu_stricto		544	1.251
Bacteria	Proteobacte	Epsilonprote	Campylobaci	Campylobaci	Campylobacter		497	1.143
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella		461	1.060
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriace	Eubacterium	Eubacterium_coprostanoligenes(HM037995)	414	0.952
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillal	Streptococca	Streptococcus		379	0.872
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Intestinimonas	Flintibacter_butyricus(NR_144611.1)	356	0.819
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Oscillibacter		344	0.791
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_obeum(X85101)	325	0.748
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Coprococcus	Coprococcus_catus(AB038359)	287	0.660
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostrept	Terrisporobacter		286	0.658
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc		284 0.653		
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Lachnospiracea_incertae_s	Eubacterium_hallii(L34621)	271	0.623
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_salivae(AB108826)	269	0.619
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales			241 0.554		
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia	Blautia_wexlerae(EF036467)	239	0.550
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_multisaccharivorax(AB200414)	238	0.547
Bacteria	Firmicutes	Negativicute	Selenomona	Acidaminoc	Phascolarctobacterium	Phascolarctobacterium_succinatutens(AB4908)	237	0.545
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostrept	Intestinibacter	Clostridium_bartlettii(AY438672)	227	0.522
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_dentasini(AB477014)	223	0.513
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Eisenbergiella		192	0.442
Bacteria	Proteobacte	Gammaprote	Aeromonad	Succinivibrio	Succinivibrio	Succinivibrio_dextrinosolvens(Y17600)	192	0.442
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Clostridium_XlVa		179	0.412
Bacteria	Proteobacte	Epsilonprote	Campylobaci	Helicobacter	Helicobacter	Helicobacter_equorum(DQ307735)	171	0.393
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Peptostrept	Romboutsia	Romboutsia_timonensis(NR_144740.1)	166	0.382
Bacteria	Firmicutes	Negativicute	Selenomona	Veillonellac	Dialister	Dialister_succinatiphilus(AB370249)	164	0.377
Bacteria	Bacteroidete	Bacteroidia	Bacteroidale	Prevotellace	Prevotella	Prevotella_brevis(AJ011682)	163	0.375
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Lachnospira	Lachnospira_multipara(FR733699)	160	0.368
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Ruminococc	Oscillibacter	Oscillibacter_valericigenes(AB238598)	160	0.368
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Roseburia	Roseburia_inulinivorans(AJ270473)	154	0.354
Bacteria	Firmicutes	Erysipelotric	Erysipelotric	Erysipelotric	Turicibacter	Turicibacter_sanguinis(AF349724)	152	0.350
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiace	Alkaliphilus		151	0.347
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Eubacteriace	Eubacterium	Emergencia_timonensis(NR_144737.1)	140	0.322
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Blautia		137	0.315
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Lachnospirac	Lachnospiracea_incertae_s	Lactobacillus_rogosae(NR_104836.1)	133	0.306

**Anexo 14.** Base de datos del grupo de animales sin la adición de *Saccharomyces cerevisiae*.

<b>N: Animales</b>	<b>Peso inicial Kg día 0</b>	<b>Peso final Kg día 30</b>	<b>Alimento consumido Kg</b>	<b>Índice de conversión</b>
<b>1</b>	16.2	31.6	32.2	2.1
<b>2</b>	15.2	29.6	32.2	2.2
<b>3</b>	15.5	30.8	32.2	2.1
<b>4</b>	14.1	27.5	32.2	2.4
<b>5</b>	15.4	29.3	32.2	2.3
<b>6</b>	15.1	28.1	32.2	2.5
<b>7</b>	15.4	29.4	32.2	2.3
<b>8</b>	15.1	31.4	32.2	2.0
<b>9</b>	14.2	28.7	32.2	2.2
<b>10</b>	14.7	28.3	32.2	2.4
<b>11</b>	15.2	29.6	32.2	2.2
<b>12</b>	14.5	31.5	32.2	1.9
<b>13</b>	15.2	32.2	32.2	1.9
<b>14</b>	14.3	31.3	32.2	1.9
<b>15</b>	15.2	31.6	32.2	2.0
<b>Media</b>	15.0	30.1	32.2	2.2

**Anexo 15.** Base de datos del grupo de animales con la adición de *Saccharomyces cerevisiae*

<b>N: Animales</b>	<b>Peso Kg día 1</b>	<b>Pesos Kg día 30</b>	<b>Alimento consumido Kg</b>	<b>Índice de conversión</b>
<b>1</b>	15.3	31.8	32.2	2.0
<b>2</b>	14.8	29.4	32.2	2.2
<b>3</b>	15.2	31.6	32.2	2.0
<b>4</b>	14.5	29.9	32.2	2.1
<b>5</b>	13.1	28.7	32.2	2.1
<b>6</b>	14.7	31.6	32.2	1.9
<b>7</b>	15.3	33.5	32.2	1.8
<b>8</b>	15.4	32.4	32.2	1.9
<b>9</b>	16.3	33.2	32.2	1.9
<b>10</b>	15.6	31.6	32.2	2.0
<b>11</b>	15.1	31.9	32.2	1.9
<b>12</b>	14.5	30.9	32.2	2.0
<b>13</b>	15.6	32.7	32.2	1.9
<b>14</b>	15.3	32.8	32.2	1.8
<b>15</b>	14.6	31.6	32.2	1.9
<b>Media</b>	15.0	31.6	32.2	2.0

**Anexo 16. Selección de animales**



**Anexo 17. Pesaje de los animales**



## Anexo 18. Sedación de los animales



## Anexo 19. Fármacos empleados para la anestesia



**Anexo 20. Procedimiento quirúrgico**



**Anexo 21. Toma de muestras**



**Anexo 22. Recuperación post cirugía**



**Anexo 23. Dosificación de *Saccharomyces cerevisiae***



**Anexo 24.** Adición de la *Saccharomyces cerevisiae* a la dieta



**Anexo 25 .** Suministro de dieta más

*Saccharomyces cerevisiae* a los animales



## **Glosario de términos**

**Antibióticos:** También llamados antibacterianos, son moléculas que bloquean el crecimiento de determinadas bacterias.

**Disbiosis:** Hace referencia a un desequilibrio en las colonias microbianas que han colonizado determinada sección.

**Enterotipo:** Comunidad de microorganismos asentada en el intestino, combinación única de diferentes cantidades y tipos de bacterias.

**Fermentación:** Proceso químico por el cual un organismo convierte el azúcar y los carbohidratos de los alimentos en ácido o alcohol.

**Inflamación:** La inflamación es la respuesta biológica del organismo con el objetivo de contrarrestar una agresión.

**Metagenoma:** Hace referencia al conjunto de genes microbianos presentes en un ecosistema o entorno determinado.

**Metagenómica:** La metagenómica es el método utilizado para el análisis del metagenoma.

**Microbiota intestinal:** Conglomerado de microorganismos que habitan a lo largo y ancho del tracto gastrointestinal.

**Microorganismo:** Es usado equivocadamente como un sinónimo de microbio, un microorganismo es un organismo unicelular o multicelular que no puede ser observado a simple vista.

**Probiótico:** Son microorganismos vivos que, al ser suministrados en la cantidad adecuada, ofrecen beneficios de salud al huésped.

**Secuenciación:** Método de laboratorio que usado para determinar la composición genética completa de un organismo o comunidad microbiana.