



Abanico Agroforestal. Enero-Diciembre, 2025; 7:1-14. <http://dx.doi.org/10.37114/abaagrof/2025.7>
Artículo Original. Recibido: 25/04/2025. Aceptado: 02/12/2025. Publicado: 15/12/2025. Clave: e2025-16
https://www.youtube.com/watch?v=r_R9i1nI49o

Ribotipificación de bacterias patógenas mesófilas aisladas de composta de cuyinaza

Ribotyping of mesophilic pathogenic bacteria isolated from cuyinaze
compost

Carlos Carmona-Gasca*¹ , Fidel Avila-Ramos² , Omar Prado-Rebolledo³ , Arturo García-Casillas³ , Gerardo Bautista-Trujillo⁴ 
¹ , Olivia Castillo-Sánchez⁵ , Sergio Martínez-González**¹ 



¹Universidad Autónoma de Nayarit. Unidad Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Km 3.5 Carretera Compostela – Chapalilla, Compostela, Nayarit, México CP 63700. ²Universidad de Guanajuato. Campus Irapuato-Salamanca, División de Ciencias de la Vida, Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Ex Hacienda El Copal Km. 9, Carretera Irapuato-Silao, Irapuato, Guanajuato, México C.P. 36500. ³Universidad de Colima. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Kilometro 40 Autopista Colima-Manzanillo. Tecoman, Colima, México. C.P. 28100. ⁴Benemerita Universidad Autónoma de Chiapas. Instituto de Investigación de Plantas Medicinales Chiapanecas. Carretera Emiliano zapata KM 8, Rancho San Francisco. Chiapas, México. ⁵Universidad Nacional Autónoma de México. Grupo de Investigación en *Leptospira* y Leptospirosis, Centro de Enseñanza Investigación y Extensión en Producción Animal en Altiplano, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Tequisquiapan 76795, México. *Autor responsable: Carlos Carmona-Gasca. **Autor de correspondencia: Sergio Martínez-González. E-mail: carmonagasca@uan.edu.mx, ledifar@ugto.mx, omarpr@ucol.mx, cesargarciacasillas@hotmail.com, gerardourielbautista@gmail.com, olicastillos@yahoo.com.mx, sergio.martinez@uan.edu.mx

RESUMEN

El manejo y transformación de excretas en unidades de producción cuyícola por su impacto ambiental es una necesidad y el composteado de cuyinaza es una práctica que va en aumento por la facilidad de transformar el excremento en un producto útil en el sector agrícola. Por su origen las compostas de estiércoles tienen una carga de microorganismos del tracto intestinal y otros ambientales que se sabe participan el proceso de compostaje, por lo que el conocer la diversidad de bacterias es clave para la toma de decisiones; por un lado, identificar los microorganismos benéficos para futuros usos en biotecnología y agroindustria y los perjudiciales para tomar medidas en la prevención de enfermedades. El objetivo del presente estudio fue realizar un análisis bacteriológico general cuantitativo y cualitativo de la composta de cuyinaza. El análisis fue realizado mediante el conteo de enterobacterias y mesófilos totales, los aislados en cultivo puro fueron identificados por PCR-secuenciación de la región variable 3 del gen 16S rRNA (SRV3), las secuencias fueron editadas y posteriormente identificadas mediante la búsqueda de secuencias más altamente similares con una identidad del 100 %. En análisis filogenético demostró la presencia de diez clonas contenidas en dos grupos, el más abundante de bacterias Gram negativas formado por dos clonas y el grupo más diverso, pero menos abundante de bacterias Gram positivas. El proceso de composteado de cuyinaza permite el desarrollo y mantenimiento de bacterias mesófilas aerobias oportunistas ambientales con potencial impacto en salud pública y salud animal pero también existen bacterias con potencial uso industrial y biotecnológico.

Palabras clave: cuye, *Cavia porcellus*, microbioma aislable, enterobacterias.



ABSTRACT

The management of excretes in guinea pig production units due to its environmental impact is a necessity, and the composting of guinea pig is a practice that is increasing due to its usefulness in the agricultural sector. The manure compost has a load of intestinal microorganisms and other environmental organisms, so knowing the diversity of bacteria is key for decision-making; e.g., to identify beneficial microorganisms in the agribusiness and those that cause diseases. The objective of the present study was to carry out a general quantitative and qualitative bacteriological analysis from guinea pig compost. The analysis was carried out by counting total Enterobacteriaceae and mesophiles, the isolates in pure culture were identified by PCR-sequencing of the variable region 3 of the 16S rRNA gene, the sequences were edited and identified by searching highly similar with 100 % identity. Phylogenetic analysis showed the presence of ten clones in two groups, the most abundant of Gram- bacteria formed by two clones and the most diverse but less abundant group of Gram+ bacteria. The guinea pig composting process allows the development of environmental mesophilic bacteria with potential impact on public health and animal health, but there are also bacteria with potential biotechnological use.

Keywords: guinea pig, *Cavia porcellus*, isolable microbiome, enterobacteria.

INTRODUCCIÓN

La producción de cuyes (*Cavia porcellus*) se encuentra en desarrollo constante por el aumento de la demanda de carne para consumo humano, uso como modelo de laboratorio y últimamente como animal de compañía (Sánchez-Macías *et al.*, 2018). Así las excretas (cuyinaza) generadas van en aumento y con ello, es importante realizar un adecuado manejo de éstas como sucede con los estiércoles de otras especies domésticas, por tal motivo la utilización y procesamiento de la cuyinaza debe ser primordial en las empresas pecuarias de producción de cuyes (Aragadvay-Yungán, 2013).

La composta de cuyinaza ha sido utilizada como fertilizante orgánico para el suelo, mejora la textura y la proliferación de microorganismos, lo cual permite un cultivo libre de agroquímicos y residuos nocivos para la salud humana (Aragadvay-Yungán, 2013). En el proceso de composteado actúan diferentes organismos entre los que destacan insectos, hongos macroscópicos, levaduras, protozoarios, bacterias aerobias y anaerobias. Estas últimas utilizan los sustratos convirtiéndolos principalmente en productos mineralizados, CO₂, H₂O y NH₄⁺ estabilizándolas en su mayoría como sustancias húmicas. Estudios metagenómicos describen la presencia de una gran diversidad de bacterias encontradas en el intestino de los cuyes, esta diversidad está compuesta por cientos de géneros bacterianos donde dominan microorganismos Gram positivos y anaerobios (Hildebrand *et al.*, 2012). Los cambios dinámicos en las comunidades microbianas son un factor importante en la degradación de la materia orgánica de la composta donde los microorganismos del tracto gastrointestinal de los cuyes y microorganismos ambientales son parte de la microbiota que es encontrada comúnmente en la composta (Umsakul *et al.*, 2010).

Dada la utilidad que las compostas de cuyinaza tienen en el sector agropecuario, los estudios microbiológicos deben realizarse para identificar microorganismos benéficos y



perjudiciales. Se cree que independientemente de las bacterias de importancia en el proceso de composteado existen bacterias exitosas que se mantienen de manera particular en la composta de cuyinaza. Por lo que el objetivo del presente estudio fue identificar las bacterias mesófilas aisladas de composta de cuyinaza.

MATERIAL Y MÉTODOS

Obtención de la composta

La unidad de producción cuyícola tiene las siguientes características: un área de 5×6 m con 100 vientres, 10 machos y sus crías de cuyes (*Cavia porcellus*) de raza peruana con reproducción continua, con fines de compañía y carne. Está ubicada en Xalisco, Nayarit, México; en los paralelos 21°18' y 21° 30' de latitud norte; los meridianos 104° 44' 105° 09' de longitud oeste; altitud de 2200 msnm. En la zona predomina el clima semicálido subhúmedo con lluvias en verano e invierno con una humedad promedio de 35.35%. La precipitación promedio anual es de 2000 mm y una temperatura promedio anual en verano de 26.0 °C y en invierno de 16 °C. Los animales fueron alimentados con forraje Tanzania, alimento peletizado para conejo y agua al libre acceso ([Xicohtencatl, 2013](#)). Las muestras de composta fueron obtenidas de diferentes lugares de la cama en bolsas de polietileno a 30 cm por abajo de la superficie, se considera composta cuando el excremento se encuentra totalmente pulverizado y degradado por acción de los organismos que habitan en la composta ([Aguirre-López, 2017](#); [Salgado-Moreno et al., 2022](#)).

Análisis microbiológico

A partir de las muestras obtenidas, se realizó el conteo de mesófilos aerobios totales con diluciones décuples seriadas desde 10⁻¹ hasta 10⁻⁶ en solución salina fisiológica. 500 µl de cada dilución se colocaron en placas Petri que contienen los medios Agar Métodos Estándar (AME) y Agar Mc Conkey (AMc) por triplicado, extendiéndolas con ayuda de un asa de Drigalsky de cristal estéril, se incubaron durante 18 a 24 horas a 37°C en una estufa bacteriológica. Se identificaron de forma exhaustiva todas las colonias diferentes en los primocultivos. Todas las colonias diferentes fueron resembradas en cultivo puro incubándose nuevamente durante 12 a 24 horas a 37 °C. Los criterios que se utilizaron para clasificar las colonias fueron los siguientes: Tamaño de la colonia calculado en mm, pigmentación, forma de la colonia que incluye elevación y bordes, aspecto de la superficie, cambios en los medios como resultado del crecimiento bacteriano ([Bautista-Trujillo et al., 2013](#)).

Identificación bacteriana

Todas las colonias desarrolladas en cultivo puro no mayores a 24 horas fueron identificadas de acuerdo a su afinidad titoreal y su morfología microscópica con la tinción de Gram y KOH al 3% ([Winn et al., 2013](#)). Al mismo tiempo fueron sembradas en 5 ml



de caldo nutritivo con 10% de glucosa y se incubaron a 37°C por 24 horas, todos los aislados bacterianos fueron preservados en congelación a -20°C, por lo que se depositaron en un criotubo 700 µl del cultivo con 300 µl de glicerol estéril. El cultivo restante se centrifugó en un microtubo de 1.5 ml a 12,500 Xg/ 5 min, hasta obtener la pastilla bacteriana, se decantó el sobrenadante y el tubo debidamente rotulado se guardó en congelación a -20°C hasta el momento de realizar la extracción de ADN ([Bautista-Trujillo et al., 2013](#)).

El procedimiento de extracción de ADN de las cepas aisladas se realizó con base a la información proporcionada por la afinidad tintorial. Para los microorganismos Gram positivos se utilizó un método de lisis enzimática y para los microorganismos Gram negativos se realizó un protocolo de lisis por choque térmico, los extractos de ADN se guardaron a -20 °C hasta el momento de su uso en la técnica de PCR ([Green & Sambrook, 2001](#); [Luque & Herráez, 2001](#); [Gill et al., 2016](#); [Gautam, 2022](#)).

A partir de las muestras de ADN se realizó la identificación de los aislados mediante la secuenciación de la región variable 3' del gen de ARNr 16S, se utilizaron los iniciadores degenerados SRV31 (5'-CGG YCC AGA CTC CTA CGG G-3') y SRV32 (5'-TTA CCG CGG CTG CTG GCA C-3') que amplifican un segmento de aproximadamente 200 pb ([Lee et al., 1996](#)). Las concentraciones de los reactivos fueron las siguientes: 3.3 mM de dNTPs (dATP, dCTP, dGTP dTTP), 10 pM de cada iniciador SRV31 y SRV32, 3 mM MgCl₂, 1 UI de Taq polimerasa y como template 5 µl de ADN en volumen total de 50 µl.

Los fragmentos de ADN amplificados por PCR fueron separados por peso molecular mediante electroforesis horizontal en geles de agarosa al 1.5 % con solución buffer TAE 1X (Tris-Ácido acético-EDTA pH 8) a 90 volts durante 20 minutos y teñidos con bromuro de etidio a una concentración de 10 µg/ml. Se utilizó azul de bromofenol y xilencianol como colorante de carga y marcador de peso molecular 1Kb Plus DNA Ladder 250 µg (1.0 µg/µl). Para visualizar los fragmentos de ADN teñidos con bromuro de etidio se utilizó un transiluminador. Los productos obtenidos se purificaron mediante un método con Polietilenglicol 8000.

Los productos de PCR ya purificados se mandaron a secuenciar a la empresa Macrogen INC en Seúl Corea. Se utilizó un secuenciador de ADN 23 ABI 3730XLs para su secuenciación capilar tipo Sanger. Los cromatogramas fueron analizados y editados con el programa Chromas PRO®, las secuencias ya editadas se buscaron con la herramienta Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) para identificar las secuencias más altamente similares en el GenBank y se tomó la mayor identidad como identificación de la especie.

A partir de las secuencias de 197 nucleótidos se construyó la historia evolutiva a escala donde se usó el algoritmo Neighbor-Joining con 2,000 réplicas. El porcentaje de réplicas



con el que están emparentados conjuntamente todos los aislados es mostrado cerca de cada derivación. Las distancias evolutivas fueron calculadas del método de máxima verosimilitud. En análisis fue realizado con las 10 secuencias con longitud de 197 nucleótidos. El análisis evolutivo fue realizado con el programa MEGA 7.0 (Kumar *et al.*, 2016). Las UFC fueron comparadas con el procedimiento GLM de SAS y la prueba Tukey para comparar las medias en el programa Estadístico SAS (SAS, 2000).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se sabe que el estiércol de los cuyes contiene una gran variedad de microorganismos que pueden ser patógenos o no patógenos y que estos pueden sobrevivir en el ambiente (Kakimoto *et al.*, 2007). Estudios de metagenómica revelan que los géneros bacterianos Bacteroidetes y Firmicutes dominan en la microbiota fecal. Específicamente, el filo Verrucomicrobia fue dominante y dentro de este el género *Akkermansia* se encuentra en un 83 %. Estudios revelan que más de 370 géneros bacterianos constituyen la microbiota del intestino de los cuyes (Hildebrand *et al.*, 2012; Takahashi *et al.*, 2005). Pero el conocimiento de la diversidad microbiana patógena que se encuentra en la composta de la cuyinaza es limitado, pues la microbiota intestinal de los cuyes es muy heterogénea (Takahashi *et al.*, 2005). Una desventaja de los estudios moleculares para identificación de microbiomas, es el no poder tener los microorganismos aislados viables para posteriores estudios y usos de esas bacterias.

La composta de cuyinaza tuvo $15.33 \pm 0.68 \times 10^7$ y $14.77 \pm 0.40 \times 10^7$ UFC mesófilos y enterobacterias totales respectivamente. Las enterobacterias aisladas constituyeron el 96.38 % de los aislados, de ellos, el 78.72 % fueron fermentadoras y el 17.66 % fueron no fermentadoras al no haber diferencia estadística con los conteos de mesófilos totales, se concluye que las bacterias mesófilas son predominantemente enterobacterias ($P < 0.05$) (Tabla 1).

Table 1. Medias $\pm$ error estándar conteo de mesófilos totales y enterobacterias encontradas en la composta de cuyinaza

Mesófilos totales	15.33 ± 0.68^a
Fermentadoras	12.83 ± 0.60^a
No fermentadoras	1.93 ± 0.29^b
Enterobacterias totales	14.77 ± 0.40^a

Los números reflejan la cantidad de 10^7 UFC. Literales diferentes indican diferencia estadística Tukey ($P < 0.05$).

Estudios sobre conteos de microorganismos mesófilos y enterobacterias son prácticas habituales para conocer la seguridad microbiológica de productos de uso humano que permite resguardar los microorganismos aislados para posteriores estudios y posibles usos (Oliveira *et al.*, 2012). Es de esperarse que muchos de estos microorganismos se



encuentren normalmente en las camas de estiércol y que participen en la degradación en el proceso de compostización. De acuerdo con la naturaleza microbiológica de la composta de excretas de diferentes animales domésticos como la composta de bovinaza (Abdel-Mohsein *et al.*, 2011) y la composta de cerdaza (Yi *et al.*, 2012), las compostas tienen una carga de mesófilos de 10⁶ a 10⁸ UFC/g. Como en otros hábitats, menos del 1% de la población bacteriana puede ser cultivada por métodos de laboratorio estándar (Roy Chowdhury *et al.*, 2014; Riber *et al.*, 2014).

La secuencia del gen 16S ARNr *rrs* es el marcador molecular más utilizado para la identificación precisa y rápida de bacterias, que se ha utilizado como una prueba estándar de oro para la validación de sistemas de identificación de microorganismos (Bautista-Trujillo *et al.*, 2013). El análisis de SRVs mostró la identidad de las especies bacterianas aisladas a partir de la búsqueda de secuencias más altamente similares en el Genbank. Con las secuencias curadas de 204 nucleótidos se obtuvo la relación de los aislados obtenidos (Figura 1).

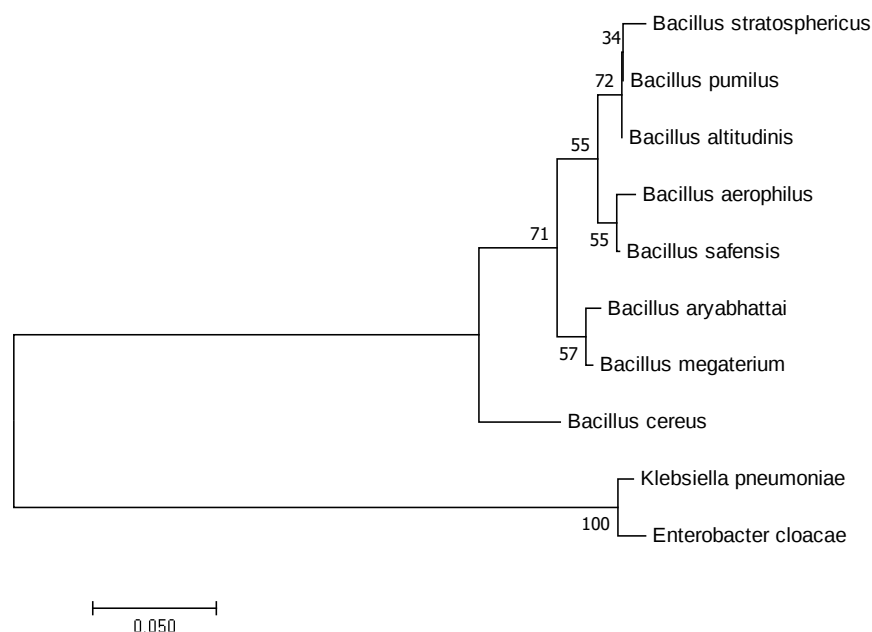


Figura 1. Historia evolutiva inferida con el algoritmo Neighbor-Joining con 2,000 réplicas a partir de las secuencias de las regiones SRV3 obtenidas en este estudio a partir de los aislados de la composta de cuyinaza. El porcentaje de réplicas donde están todos los emparentados conjuntamente es mostrado cerca de cada derivación.

Por la naturaleza del sustrato, las compostas de excretas de animales son ricas de enterobacterias. La diversidad de los cultivos bacterianos de composta de cuyinaza estuvo representada por el 96.38 % de enterobacterias Gram negativas, las cuales



predominantemente fueron *Klebsiella pneumoniae* y *Enterobacter cloacae* ($P < 0.05$) y el restante 3.62 % fueron bacterias Gram positivas que incluyeron ocho especies del género *Bacillus* ($P < 0.05$) (Tabla 2).

Tabla 2. Especies bacterianas aisladas de la composta de cuyinaza

<i>Klebsiella pneumoniae</i>	123.33 ± 10^a
<i>Enterobacter cloacae</i>	27.66 ± 2^b
<i>Bacillus altitudinis</i>	0.66 ± 1^c
<i>Bacillus aerophilus</i>	0.33 ± 1^c
<i>Bacillus aryabhattai</i>	0.33 ± 1^c
<i>Bacillus stratosphericus</i>	0.66 ± 1^c
<i>Bacillus megaterium</i>	0.33 ± 1^c
<i>Bacillus pumilus</i>	1.66 ± 1^c
<i>Bacillus safensis</i>	1.00 ± 0^c
<i>Bacillus cereus</i>	0.66 ± 1^c

Los números reflejan la cantidad de 10^7 UFC. Literales diferentes indican diferencia estadística Tukey ($P < 0.05$).

El microorganismo predominante encontrado en la composta de cuyinaza fue *Klebsiella pneumoniae*, la cual se caracteriza por ser una proteobacteria Gram-negativa patógena y oportunista en forma de bastón que pueden vivir en el agua, suelo, plantas y de importancia para humanos y animales (Podschn et al., 2001). A pesar del impacto en la salud; sin embargo, en las plantas, diferentes cepas de *K. pneumoniae* son capaces de vivir como endófitos lo que aumenta el crecimiento de la planta en condiciones agrícolas por su capacidad de fijar nitrógeno encontrándose en cultivos de papa, arroz, maíz, caña, piña, plátano (Iniguez et al., 2004; Ando et al., 2006).

Enterobacter cloacae fue la segunda clona más abundante aislada de la composta de cuyinaza. Son bacterias Gram negativas anaerobias facultativas que se encuentran ampliamente en la naturaleza, son saprófitas en el medio ambiente encontrándose en el suelo y las aguas residuales, también forman parte de la flora entérica comensal del tracto gastrointestinal humano y de los animales. En las últimas décadas han adquirido importancia clínica patógenos nosocomiales en miles de casos, pero también ha sido



ampliamente utilizada en modelos de control biológico contra diversos hongos y bacterias que afectan semillas y raíces de plantas productivas ([Mezzatesta et al., 2012](#)).

La mayor diversidad en la composta de cuyinaza se encontró un grupo heterogéneo de bacterias Gram positivas que constituyó el 3.62 % del total de las bacterias mesófilas aisladas, todas las especies de este grupo fueron identificadas dentro del género *Bacillus*. Este es un grupo extremadamente diverso de bacterias dentro del filo Firmicutes que abarca especies con un impacto generalizado en la vida humana, contiene 293 especies que pueden variar de ser extremadamente patógenas a microbios importantes utilizados en la agricultura y en la producción industrial de varios antibióticos y enzimas importantes ([Patel & Gupta, 2020](#); [Dunlap, 2019](#)). *B. subtilis*, la especie tipo de este género, es uno de los organismos procariotas más antiguos y mejor estudiados que se utiliza como organismo modelo para bacterias Gram positivas y es ampliamente estudiado en el pasado para comprender la formación de esporas ([Nogi et al., 2005](#)). Sin embargo, a pesar de la extensa investigación disponible sobre especies individuales de *Bacillus*, la historia filogenética y evolutiva general de este género sigue muy confusa y poco conocida ([Patel & Gupta, 2020](#)).

La mayoría de las especies de *Bacillus* Gram positivas, formadoras de endosporas, aeróbicas o anaerobias facultativas, que se aíslan principalmente del suelo o del agua, alimentos y muestras clínicas. Esta definición no describe el género en su conjunto, ya que las especies de *Bacillus* muestran una amplia gama de propiedades fenotípicas y no hay características, fenotípicas o moleculares, que sean exclusivas de todas las especies de *Bacillus*. Por ejemplo, las especies de *Bacillus* pueden ser bastones o cocos, móviles o no móviles, aeróbicos, anaeróbicos o facultativamente anaeróbicos, y algunas especies ni siquiera forman endosporas ([Ash et al., 1991](#)). La extrema heterogeneidad y polifilia de las especies de *Bacillus* son principalmente el resultado de criterios sueltos utilizados en el pasado para asignar diversas especies que son capaces de formar esporas en presencia de oxígeno a este género. Tales criterios vagos permitieron la asignación de numerosas especies al género *Bacillus* cuyas propiedades fenotípicas y bioquímicas generales no se alinearon con la especie tipo, *B. subtilis*. En consecuencia, los miembros del género *Bacillus* exhiben actualmente una gran diversidad filogenética y fenotípica, y numerosas especies que forman parte de este género, no están relacionadas con la especie tipo ya que no comparten una historia evolutiva común.

B. cereus es un bacilo Gram positivo formador de esporas más hidrófoba que las esporas de cualquier otro *Bacillus*, habita en el suelo, ambientes marinos, vegetales, el tracto intestinal de invertebrados y piel humana; sin embargo, el mayor interés se centra en intoxicaciones alimentarias relacionadas por consumo de productos alimenticios precocinados y refrigerados de vida útil prolongada que favorecen la supervivencia y el crecimiento de *B. cereus* ([Aravind et al., 2009](#)). Estas enfermedades transmitidas por



alimentos son subdiagnosticadas debido a que los síntomas son leves, de corta duración y que son causados por diferentes toxinas, una toxina emética y enterotoxinas (Lindbäck & Granum, 2019). Se ha utilizado para control biológico por producir compuestos fungicidas y bactericidas (Jacobsen *et al.*, 2004).

B. pumilus, *B. megaterium* y *B. altitudinis* poseen un amplio rango de características importantes desde un punto de vista biotecnológico e industrial, se encuentran en ambientes muy diversos como agua de mar (Halder *et al.*, 2017), aguas profundas de lagos, a grandes altitudes sedimentos, arrozales, alimentos secos, miel, leche y en tejidos vegetales como endófitos (Shafi *et al.*, 2017). También participa en el proceso de putrefacción para frutas de manzana y pera (Elbanna *et al.*, 2014). En la agricultura se han usado para promover el crecimiento de las plantas y la supresión de hongos y de control biológico contra patógenos de plantas principalmente hongos fitopatógenos (Sunar *et al.*, 2015). En términos evolutivos, *B. megaterium* es un miembro clave del género *Bacillus*, que forma una rama filogenética profundamente arraigada que es genéticamente y fenotípicamente distinto del *B. subtilis* y *B. cereus* (Eppinger *et al.*, 2011).

B. aerophilus, *B. aryabhattai* y *B. stratosphericus* fueron aisladas en tubos criogénicos utilizados para recoger muestras de aire a una altitud de hasta 41 km (Shivaji *et al.*, 2006) pero también han sido aisladas de muestras de suelo (Van-Thuoc *et al.*, 2012) y se han encontrado en diversos entornos como el azúcar, suelo de plantaciones de caña y arroz (Pailan *et al.*, 2015).

CONCLUSIONES

El proceso de composteado de cuyinaza permite el desarrollo y mantenimiento de bacterias mesófilas aerobias oportunistas y ambientales donde *K. pneumoniae* es la clona predominante. Más allá de la importancia en salud pública y salud veterinaria, la mayor parte de los microorganismos aislados tienen potencial para uso en biorremediación y biocontrol en el sector agropecuario.

Agradecimientos

Los autores agradecen el financiamiento brindado por el programa de Fortalecimiento a la Investigación a través del Impulso a Conclusión de Proyectos de Investigación con Financiamiento Externo de la Universidad Autónoma de Nayarit 2018, y al Programa Integral de Fortalecimiento Institucional (PIFI) para Cuerpos Académicos 2016-2018 de la Secretaría de Educación Pública de México.



REFERENCIAS

- ABDEL-MOHSEIN HS, Sasaki T, Tada C, Nakai Y. 2011. Characterization and partial purification of a bacteriocin-like substance produced by thermophilic *Bacillus licheniformis* H1 isolated from cow manure compost. *Anim Sci J*. 82:340-51.
<https://doi.org/10.1111/j.1740-0929.2010.00835.x>
- AGUIRRE-López EW. 2017. Producción de biofertilizante mediante fermentación de la cuyinaza por bacterias del género *Lactobacillus* aisladas del fermento de la chicha de la cebada. Tesis de grado. Universidad Católica Sedes Sapientiae. Perú.
https://alicia.concytec.gob.pe/vufind/Record/UCSS_fb4baeed26d56c28fa8db85cf0d4fbf
- ANDO S, Goto M, Meunchang S, Thongra-AR P, Fujiwara T, Hayashi H, Yoneyama T. 2006. Detection of nifH sequences in sugarcane (*Saccharum officinarum* L.) and pineapple (*Ananas comosus* [L.] Merr.). *Soil Science & Plant Nutrition*. 51:303-308.
<https://doi.org/10.1111/j.1747-0765.2005.tb00034.x>
- ARAGADVAY-Yungán RG. 2013. Efecto de la aplicación de diferentes niveles de bacterias *Rhizobium meliloti* con la adición de estiércol de cuy en la producción forrajera del *Medicago Sativa* (Alfalfa). Tesis de grado. Escuela Superior Politécnica de Chimborazo. Ecuador. <https://dspace.esPOCH.edu.ec/items/0ea2bba1-22bf-47c6-b1c8-40f03c1051fb>
- ARAVIND R, Kumar A, Eapen SJ, Ramana KV. 2009. Endophytic bacterial flora in root and stem tissues of black pepper (*Piper nigrum* L.) genotype: isolation, identification and evaluation against *Phytophthora capsici*. *Lett Appl Microbiol*. 48:58-64.
<https://doi.org/10.1111/j.1472-765x.2008.02486.x>
- ASH C, Farrow J, Wallbanks S, Collins M. 1991. Phylogenetic heterogeneity of the genus *Bacillus* revealed by comparative analysis of small-subunit-ribosomal RNA sequences. *Lett Appl Microbiol*. 13:202-206. <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.1991.tb00608.x>
- BAUTISTA-TRUJILLO GU, Solorio-Rivera JL, Renteria-Solorzano I, Carranza-German SI, Bustos-Martinez JA, Arteaga-Garibay RI, Baizabal-Aguirre VM, Cajero-Juarez M, Bravo-Patino A, Valdez-Alarcon JJ. 2013. Performance of culture media for the isolation and identification of *Staphylococcus aureus* from bovine mastitis. *J Med Microbiol*. 62:369-376. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.046284-0>
- DUNLAP CA. 2019. Taxonomy of registered *Bacillus* spp. strains used as plant pathogen antagonists. *Biological Control*. 134:82-86.
<https://doi.org/10.1016/j.biocontrol.2019.04.011>
- ELBANNA K, Elnaggar S, Bakeer A. 2014. Characterization of *Bacillus altitudinis* as a new causative agent of bacterial Soft Rot. *Journal of Phytopathology*. 162:712-722.
<https://doi.org/10.1111/jph.12250>



EPPINGER M, Bunk B, Johns MA, Edirisinghe JN, Kutumbaka KK, Koenig SSK, Creasy HH, Rosovitz MJ, Riley DR, Daugherty S, Martin M, Elbourne LDH, Paulsen I, Biedendieck R, Braun C, Grayburn S, Dhingra S, Lukyanchuk V, Ball B, UL-Qamar R, Seibel J, Bremer E, Jahn D, Ravel J, Vary PS. 2011. Genome sequences of the biotechnologically important *Bacillus megaterium* strains QM B1551 and DSM319. *Journal of Bacteriology*. 193:4199-4213. <https://doi.org/10.1128/jb.00449-11>

GAUTAM A. 2022. DNA and RNA Isolation Techniques for Non-Experts. Springer International Publishing. Switzerland. ISBN: 9783030942298.

https://catalog.nlm.nih.gov/discovery/fulldisplay?docid=alma9918697853506676&context=L&vid=01NLM_INST:01NLM_INST&lang=en&adaptor=Local%20Search%20Engine&ab=LibraryCatalog&query=lds56,contains,DNA%20--%20isolation%20%26%20purification,AND&mode=advanced&offset=0

GILL C, Van de Wijgert JH, Blow F, Darby AC. 2016. Evaluation of lysis methods for the extraction of bacterial DNA for analysis of the vaginal microbiota. *PloS One*. 11(9), e0163148. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0163148>

GREEN Michael R, Sambrook Joseph. 2001. Molecular cloning: a laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Cold Spring Harbor, New York. USA. ISBN: 9781936113415.

https://catalog.nlm.nih.gov/discovery/fulldisplay/alma9915882953406676/01NLM_INST:01NLM_INST

HALDER U, Banerjee A, Chaudhry V, Varshney R, Mantri S, Bandopadhyay R. 2017. Draft genome report of *Bacillus altitudinis* SORB11, isolated from the Indian sector of the Southern Ocean. *Genome Announc*. 5(23): e00339-17. <https://doi.org/10.1128/genomea.00339-17>

HILDEBRAND F, Ebersbach T, Nielsen HB, Li X, Sonne SB, Bertalan M, Dimitrov P, Madsen L, Qin J, Wang J, Raes J, Kristiansen K, Licht TR. 2012. A comparative analysis of the intestinal metagenomes present in guinea pigs (*Cavia porcellus*) and humans (*Homo sapiens*). *BMC Genomics*. 13:514. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-13-514>

INIGUEZ AL, Dong Y, Triplett EW. 2004. Nitrogen fixation in wheat provided by *Klebsiella pneumoniae* 342. *Mol Plant Microbe Interact*. 17(10):1078-1085. <https://doi.org/10.1094/mpmi.2004.17.10.1078>

JACOBSEN BJ, Zidack NK, Larson BJ. 2004. The role of bacillus-based biological control agents in integrated pest management systems: plant diseases. *Phytopathology*. 94:1272-1275. <https://doi.org/10.1094/phyto.2004.94.11.1272>

KAKIMOTO T, Osawa T, Funamizu N. 2007. Antibiotic effect of amoxicillin on the feces composting process and reactivation of bacteria by intermittent feeding of feces. *Bioresour Technol*. 98(18):3555-3560. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2006.11.029>



KUMAR S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: mMolecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for Bigger Datasets. *Mol Biol Evol.* 33(7):1870-1874.

<https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>

LEE DH, Zo YG, Kim SJ. 1996. Nonradioactive method to study genetic profiles of natural bacterial communities by PCR-single-strand-conformation polymorphism. *Applied and Environmental Microbiology.* 62(9):3112-3120. <https://doi.org/10.1128/aem.62.9.3112-3120.1996>

LINDBÄCK T, Granum PE. 2019. *Bacillus cereus*. In: Michael P. Doyle, Francisco Diez-Gonzalez, Colin Hill. (ed.) Food Microbiology: Fundamentals and Frontiers. 5th Edition. ISBN: 9781555819965. <https://doi.org/10.1128/9781555819972.ch20>

LUQUE J, Herráez A. 2001. Biología molecular e ingeniería genética: Conceptos, técnicas y aplicaciones en ciencias de la salud. Galería de imágenes.

<https://catedrabiologiamolecularusal.wordpress.com/wp-content/uploads/2020/03/biologia-molecular.pdf>

MEZZATESTA ML, Gona F, Stefani S. 2012. Enterobacter cloacae complex: clinical impact and emerging antibiotic resistance. *Future microbiology.* 7(7):887-902.

<https://doi.org/10.2217/fmb.12.61>

NOGI Y, Takami H, Horikoshi K. 2005. Characterization of alkaliphilic Bacillus strains used in industry: proposal of five novel species. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology.* 55(6):2309-2315. <https://doi.org/10.1099/ijms.0.63649-0>

OLIVEIRA M, VI I, Usall J, Anguera M, Abadias M. 2012. Presence and survival of Escherichia coli O157: H7 on lettuce leaves and in soil treated with contaminated compost and irrigation water. *Int J Food Microbiol.* 156(2):133-140.

<https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2012.03.014>

PAILAN S, Gupta D, Apte S, Krishnamurthi S, Saha P. 2015. Degradation of organophosphate insecticide by a novel *Bacillus aryabhatai* strain SanPS1, isolated from soil of agricultural field in Burdwan, West Bengal, India. *International Biodeterioration & Biodegradation.* 103:191-195. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2015.05.006>

PATEL S, Gupta RS. 2020. A phylogenomic and comparative genomic framework for resolving the polyphyly of the genus Bacillus: Proposal for six new genera of *Bacillus species*, *Peribacillus* gen. nov., *Cytobacillus* gen. nov., *Mesobacillus* gen. nov., *Neobacillus* gen. nov., *Metabacillus* gen. nov. and *Alkalihalobacillus* gen. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology.* 70(1):406-438. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003775>

PODSCHUN R, Pietsch S, Holler C, Ullmann U. 2001. Incidence of Klebsiella species in surface waters and their expression of virulence factors. *Appl Environ Microbiol.* 67(7):3325-3327. <https://doi.org/10.1128/aem.67.7.3325-3327.2001>



RIBER L, Poulsen PH, Al-Soud WA, Skov Hansen LB, Bergmark L, Brejnrod A, Norman A, Hansen LH, Magid J, Sorensen SJ. 2014. Exploring the immediate and long-term impact on bacterial communities in soil amended with animal and urban organic waste fertilizers using pyrosequencing and screening for horizontal transfer of antibiotic resistance. *FEMS Microbiol Ecol.* 90(1):206-224. <https://doi.org/10.1111/1574-6941.12403>

ROY Chowdhury P, Mckinnon J, Wyrsh E, Hammond JM, Charles IG, Djordjevic SP. 2014. Genomic interplay in bacterial communities: implications for growth promoting practices in animal husbandry. *Front Microbiol.* 5:e00394. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00394>

SALGADO-MORENO S, Hernández-Moreno S, Martínez-Orozco S, Chamé-Vázquez E, Borrayo-González J, Ibarra-Gudiño C, Martínez-González S. 2022. Identificación del escarabajo *Alphitobius diaperinus* en la cama de explotaciones de Cuyes (*Cavia porcellus*). *Abanico Agroforestal.* 4:e2022-1. <http://dx.doi.org/10.37114/abaagrof/2022.6>

SÁNCHEZ-Macías D, Barba-Maggi L, Morales-Delanuez A, Palmay-Paredes J. 2018. Guinea pig for meat production: A systematic review of factors affecting the production, carcass and meat quality. *Meat Sci.* 143:165-176. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.05.004>

SAS PE. 2000. The SAS system. *SAS/STAT User's guide version 8*, 3884. ISBN: 1-58025-494-2. <https://www.sfu.ca/sasdoc/sashtml/hrddoc/indfiles/57388.htm>

SHAFI S, Kamili AN, Shah MA, Bandh SA, Dar R. 2017. Dynamics of bacterial class Bacilli in the deepest valley lake of Kashmir-the Manasbal Lake. *Microbial pathogenesis.* 104:78-83. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2017.01.018>

SHIVAJI S, Chaturvedi P, Suresh K, Reddy GSN, Dutt CBS, Wainwright M, Narlikar JV, Bhargava PM. 2006. *Bacillus aerius* sp. nov., *Bacillus aerophilus* sp. nov., *Bacillus stratosphericus* sp. nov. and *Bacillus altitudinis* sp. nov., isolated from cryogenic tubes used for collecting air samples from high altitudes. *Int J Syst Evol Microbiol.* 56(7):1465-1473. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64029-0>

SUNAR K, Dey P, Chakraborty U, Chakraborty B. 2015. Biocontrol efficacy and plant growth promoting activity of *Bacillus altitudinis* isolated from Darjeeling hills, India. *Journal of basic microbiology.* 55(1):91-104. <https://doi.org/10.1002/jobm.201300227>

TAKAHASHI T, Karita S, Yahaya MS, Goto M. 2005. Radial and axial variations of bacteria within the cecum and proximal colon of Guinea Pigs revealed by PCR–DGGE. *Biosci Biotechnol Biochem.* 69(9):1790-1792. <https://doi.org/10.1271/bbb.69.1790>

UMSAKUL K, Dissara Y, Srimuang N. 2010. Chemical, physical and microbiological changes during composting of the water hyacinth. *Pakistan Journal of Biological Sciences.* 13(20):985-992. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2010.985.992>



VAN-THUOC D, Huu-Phong T, Thi-Binh N, Thi-Tho N, Minh-Lam D, Quillaguamán J. 2012. Polyester production by halophilic and halotolerant bacterial strains obtained from mangrove soil samples located in Northern Vietnam. *Microbiology Open*. 1(4):395-406. <https://doi.org/10.1002/mbo3.44>

WINN WC, Allen SD, Janda WM, Koneman EW, Procop GW, Schrenckenberger PC, Woods GL. 2013. *Koneman. Diagnóstico microbiológico. Texto y Atlas en color*, México, D.F., Editorial Medica Panamericana. México. ISBN: 978-950-06-0895-4. <https://books.google.com.mx/books?id=jyVQueKro88C&printsec=frontcover&hl=es#v=onepage&q&f=false>

XICOHTENCATL-SÁNCHEZ PG, Barrera-Zúñiga S, Orozco-Orozco T, Torres-Sandoval SFM, Monsivais-Isiordia R. 2013. Parámetros productivos de cuyes (*Cavia porcellus*) del nacimiento al sacrificio en Nayarit, México. *Abanico Veterinario*. 3(1):36-43. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=7390216>

YI J, Wu HY, Wu J, Deng CY, Zheng R, Chao Z. 2012. Molecular phylogenetic diversity of *Bacillus* community and its temporal-spatial distribution during the swine manure of composting. *Appl Microbiol Biotechnol*. 93:411-421. <https://doi.org/10.1007/s00253-011-3425-x>

[Errata, Erratum](#)

<https://abanicoacademico.mx/revistasabanico-version-nueva/index.php/abanico-agroforestal/errata>