



# UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO



UNIDAD REGIONAL UNIVERSITARIA DE ZONAS ÁRIDAS

Maestría en Ciencias en Recursos Naturales y

Medio Ambiente en Zonas Áridas

## MICROBIOTA BACTERIANA FECAL DE ESPECIES DE VERTEBRADOS EN LA RESERVA DE LA BIOSFERA MAPIMÍ

TESIS

Que como requisito parcial para obtener el grado de:

**Maestro en Ciencias en Recursos Naturales y**

**Medio Ambiente en Zonas Áridas**

Presenta:

**Biol. Irene Pacheco Torres**

Bajo la supervisión de:

**Dr. César Alberto Meza Herrera**

**Dra. Cristina García De la Peña**



1854

COORDINACIÓN GENERAL  
DE ESTUDIOS DE POSGRADO

**APROBADA**



*Bermejillo, Durango, México, febrero 2020*



**MICROBIOTA BACTERIANA FECAL DE ESPECIES DE VERTEBRADOS  
EN LA RESERVA DE LA BIOSFERA MAPIMÍ**

Tesis realizada por **IRENE PACHECO TORRES** bajo la Dirección del Comité Asesor,  
aprobada y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

**MAESTRO EN CIENCIAS EN RECURSOS NATURALES Y  
MEDIO AMBIENTE EN ZONAS ÁRIDAS**

Director

Dr. César Alberto Meza-Herrera

Co-Directora

Dra. Cristina García De la Peña

Asesor

Dr. Luis Antonio Tarango Arámbula

Asesor

Dra. Verónica Ávila Rodríguez

Asesor

Dr. Ricardo Trejo Calzada

## **CRÉDITOS INSTITUCIONALES**

Esta tesis fue elaborada en el Laboratorio de Medicina de la Conservación de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Juárez del Estado de Durango, Gómez Palacio, Durango y en el Laboratorio Nacional en Salud: Diagnóstico Molecular y Efecto Ambiental en Enfermedades Crónico-Degenerativas de la Facultad de Estudios Superiores Iztacala de la UNAM, bajo la supervisión de la Dra. Cristina García De la Peña, Dr. Felipe Vaca Paniagua, Dra. Clara Díaz Velásquez y Dra. Fabiola Méndez Catalá.

Durante la realización de esta investigación se contó con el apoyo del Programa de Becas Nacionales CONACYT 2018-2019.

## **AGRADECIMIENTOS**

A DIOS, porque no me ha dejado ni me ha desamparado en ningún momento.

A mis padres y hermanos, por su apoyo incondicional en cada momento de mi vida, por creer en mí e inspirarme siempre a ir por más. Gracias por ser mis maestros de vida.

Dra. Cristina García, por su apoyo y confianza durante tantos años, además de transmitirme su conocimiento siempre de la mejor manera. Por motivarme a ir más allá de lo que conozco hasta alcanzar el objetivo.

Dr. César Meza, por confiar ciegamente en mí y en mi trabajo. Por sus sabios consejos y enseñanzas en este andar que comienzo a recorrer, los guardaré por siempre.

Dr. Luis Tarango, por brindarme su apoyo en cada momento y siempre estar al pendiente del avance de este trabajo.

A la Dra. Verónica Ávila y el Dr. Ricardo Trejo por su invaluable participación en esta investigación.

A mis amigos de la vida, Madai, Abraham, Daniel, por ser parte de cada momento importante en este trayecto.

A mis amigas de corazón Alejandra López y Abigail Sánchez, por hacer de estos dos años los mejores.

A las personas que formaron parte del equipo de trabajo (Sergio, Daniel y Ricardo), aportando de manera desinteresada horas valiosas de su tiempo para este proyecto.

A los Doctores Felipe Vaca, Clara Díaz y Claudia Méndez del laboratorio Nacional en Salud: Diagnóstico Molecular y Efecto Ambiental en Enfermedades Crónico-Degenerativas de la Facultad de Estudios Superiores Iztacala de la UNAM por las facilidades brindadas durante esta investigación.

A los profesores, compañeros y el personal que forma parte del Posgrado en Ciencias en Recursos Naturales y Medio Ambiente en Zonas Áridas por la disposición y apoyo brindados a lo largo de estos dos años.

Al Programa de Becas Nacionales CONACYT (2018 –2019).



## **DEDICATORIA**

A mis padres, por ser siempre una pieza importante en mi vida, por estar en cada etapa de ella y seguir siendo mi ejemplo e inspiración en todo.

A mis hermanos por ser mis mejores amigos, compartir conmigo cada momento importante y estar siempre para mí.

A las personas que siempre confiaron en mí e impulsaron a que este logro fuera posible.

## DATOS BIOGRAFICOS

La C. Irene Pacheco Torres, es originaria de Gómez Palacio, Durango. Concluyó sus estudios básicos en la Preparatoria Estatal Jaime Torres Bodet en el año 2011. Es Bióloga egresada de la Facultad de Ciencias Biológicas de la Universidad Juárez del Estado de Durango en el 2015. Obtuvo el grado de licenciatura con Mención Honorífica con la tesis “Análisis de la microbiota bacteriana fecal en el perrito llanero cola negra (*Cynomys ludovicianus*) en la Reserva de la Biosfera Janos, Chihuahua” en marzo del 2017 dirigida por la Dra. Cristina García De la Peña.

Dicha tesis fue acreedora al primer lugar en el 4to Encuentro de Jóvenes Investigadores del Estado de Durango, otorgado por el Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Durango (COCyTED), Área de Biología y Química, septiembre 2017. De la tesis de licenciatura se derivó un artículo publicado en el año 2019 en la revista-JCR “*Animal Biodiversity and Conservation*”, que lleva por nombre “First insights into the fecal bacterial microbiota of the black-tailed prairie dog (*Cynomys ludovicianus*) in Janos, Mexico”.

Su línea de investigación es la medicina de la conservación y fauna silvestre con el proyecto “Microbiota bacteriana fecal de especies de vertebrados en la Reserva de la Biosfera Mapimí”. En el marco de dicho proyecto se concluyó el presente trabajo de tesis de investigación, bajo la supervisión de los Directores Dra. Cristina García De la Peña, Dr. César Alberto Meza Herrera y Dr. Luis Antonio Tarango Arámbula.

De la presente tesis se han realizado seis presentaciones en los siguientes eventos: X Congreso Nacional sobre Recursos Bióticos de Zonas Áridas, 1ª Conferencia Nacional sobre Manejo y Conservación de Fauna Silvestre, VI Congreso de Bioquímica y Biología Molecular de Bacterias y XLI Congreso Nacional de Microbiología y 3er Congreso de Diversidad Biológica. Uno de estos productos llamado “Microbiota bacteriana fecal del caballo (*Equus caballus*) en libre pastoreo en la Reserva de la Biosfera Mapimí” será publicado como capítulo de libro durante el presente año. Derivado de esta misma investigación, actualmente se encuentra en revisión el manuscrito titulado “Microbiota bacteriana fecal bovina en el noreste de la Reserva de la Biosfera Mapimí” en la Revista Chapingo Serie Zonas Áridas, la cual forma parte de las Revistas de Excelencia del CONACYT.

# MICROBIOTA BACTERIANA FECAL DE ESPECIES DE VERTEBRADOS EN LA RESERVA DE LA BIOSFERA MAPIMÍ

## FECAL BACTERIAL MICROBIOTA OF VERTEBRATE SPECIES IN THE MAPIMÍ BIOSPHERE RESERVE

Irene Pacheco-Torres<sup>1</sup>, César A. Meza-Herrera<sup>2</sup>, Cristina García-De la Peña<sup>2</sup>

### RESUMEN GENERAL

La Reserva de la Biosfera Mapimí (RBM) es un ecosistema representativo del Desierto Chihuahuense. El análisis de microbiomas de poblaciones silvestres ha demostrado que las comunidades bacterianas se encuentran asociadas mediante diversas interacciones entre especies nativas y no nativas. La transmisión inter-especie de bacterias puede por lo tanto afectar la dinámica de dichas poblaciones. De lo anterior se desprende la importancia de la microbiota fecal en la salud de su hospedero, en especial en poblaciones de vertebrados con una alta interacción y diversidad como la observada en la RBM. El objetivo del presente estudio fue analizar la microbiota bacteriana fecal (MBF) de un total de 14 especies de vertebrados: 12 especies de silvestres: vertebrados diurnos (coyote, CO; gato montés, GM; venado bura, VB; liebre cola negra, LC y tortuga del bolsón, TB), vertebrados nocturnos (rata canguro Merriam, DM; rata canguro Nelson, DN; ratón chihuahuense, CC; ratón Nelson, CN; ratón cactus, RC; rata magueyera, RM y murciélago pálido, MP) y dos especies domésticas (bovinos, BO y equinos, EQ). Asimismo, se evaluó la similitud y potencial patógeno y/o zoonótico de todas las especies del microbioma de cada vertebrado. Se colectaron muestras fecales (n=45) utilizando técnicas específicas para cada especie. Se extrajo el DNA bacteriano y se amplificó la región V3-V4 del gen 16S rRNA con primers específicos. La secuenciación masiva se realizó en un Miseq de Illumina. Los resultados se analizaron con QIIME utilizando la referencia de EzBioCloud. El phylum Firmicutes estuvo presente en todas las muestras de los vertebrados con una abundancia de 60% del total de todas las secuencias. Se confirmó la presencia de 24 géneros y siete especies bacterianas patógenas y/o zoonóticas en algunas especies de los vertebrados estudiados. El análisis de coordenadas principales (PCoA) usado para comparar la similitud de microbiota bacteriana entre especie de vertebrados, mostró la separación de las especies con base en su composición y tipo de dieta conformando cuatro grupos: roedores nocturnos (DM, DN, CC, CN, RC y RM), carnívoros (CO y GM), herbívoros ruminantes (BO y VB) y un grupo mixto (EQ, LC, TB y MP). Con esta investigación se muestra por primera vez la estructura de la comunidad microbiana fecal de especies de vertebrados en la RBM. Las diferencias y similitudes registradas obedecen, de manera general, al proceso evolutivo de adaptación fisiológica digestiva de estas especies en este hábitat particular. Esta información servirá de base a estudios posteriores que profundicen en el papel que desempeñan las bacterias intestinales en la salud de la fauna silvestre.

**Palabras clave:** Microbiota bacteriana, vertebrados, gen 16S rRNA, secuenciación masiva, Reserva de la Biosfera

### GENERAL ABSTRACT

The Mapimi Biosphere Reserve (MBR) is a representative ecosystem from the Chihuahuan desert. The microbiome analysis of wild populations has shown that bacterial communities are associated through diverse interactions between native and non native species. Therefore, the inter-species bacterial transmission can affect the dynamics of such populations. From the above arises the importance of the fecal microbiota upon the host health status, especially regarding vertebrate populations with a high degree of interaction and diversity as observed in the MBR. The aim of this study was to analyze the fecal bacterial microbiota (FBM) in a total of 14 species of vertebrates: 12 of those species were wild diurnal vertebrates (coyote, CO; bobcat, BC; mule deer, MD; black-tailed jackrabbit, JR and bolson tortoise, BT), nocturnal vertebrates (Merriam's kangaroo rat, MK; Nelson's kangaroo rat, NK; Chihuahuan mouse, CM; Nelson's mouse, MN; cactus mouse, CM; white-throated woodrat, WW and pallid bat, PB), and two domestic species (bovine; BO, equine; EQ). Additionally, both the similitude and the pathogenic or zoonotic potential from all the microbiome species in each vertebrate were evaluated. Feces samples (n=45) were collected using specific intra-species collection techniques. Bacterial DNA was extracted and the V3-V4 region of the 16S rRNA gene was amplified with specific primers. The massive sequencing was performed with a MiSeq Illumina. The results were analyzed with QIIME using the EzBioCloud reference. The phylum Firmicutes was present in all vertebrate samples with an abundance of 60% of the total of all sequences. The presence of 24 genera and seven bacterial species as pathogens and zoonotic was confirmed in some of the studied vertebrate species. The principal coordinate analysis (PCoA) used to compare the bacterial microbiota similarities among vertebrate species, showed a group-separation of species based on their composition and type of diet, conforming four groups: nocturnal rodents (MK, NK, CM, MN, CM, and WW), carnivores (CO and BC), ruminant herbivores (BO and MD), and a mixed group (EQ, JR, BT and PB). This research shows for the first time the structure of the fecal microbial community of vertebrate species in the RBM. Both, differences and similarities registered here are due, in general, to the evolutionary process of digestive physiological adaptation of these species to this particular habitat. This information will serve as a basis for further studies that deepen the role that intestinal bacteria play in wildlife health.

**Keywords:** Bacterial microbiota, vertebrates, 16S rRNA gene, massive sequencing, Biosphere Reserve

<sup>1</sup>Tesista, <sup>2</sup>Directores

---

## TABLA DE CONTENIDO

---

<b>RESUMEN GENERAL</b>	<b>vii</b>
<b>GENERAL ABSTRACT</b>	<b>vii</b>
<b>TABLA DE CONTENIDO</b>	<b>viii</b>
<b>ÍNDICE DE CUADROS</b>	<b>x</b>
<b>ÍNDICE DE FIGURAS</b>	<b>xiv</b>
<b>I. INTRODUCCIÓN</b>	<b>19</b>
<b>II. OBJETIVO GENERAL</b>	<b>23</b>
2.1 Objetivos específicos	23
<b>III. HIPÓTESIS</b>	<b>23</b>
<b>IV. REVISIÓN DE LITERATURA</b>	<b>24</b>
4.1 Carnívoros	24
4.1.1 Coyote ( <i>Canis latrans</i> )	24
4.1.2 Gato montés ( <i>Lynx rufus</i> )	27
4.2 Herbívoros	29
4.2.1 Caballo ( <i>Equus caballus</i> )	30
4.2.2 Vaca ( <i>Bos taurus</i> )	32
4.2.3 Venado bura ( <i>Odocoileus hemionus</i> )	35
4.2.4 Liebre cola negra ( <i>Lepus californicus</i> )	38
4.2.5 Tortuga del Bolsón ( <i>Gopherus flavomarginatus</i> )	41
4.3 Murciélago pálido ( <i>Antrozous pallidus</i> )	44
4.3.1 Clasificación taxonómica	44
4.3.2 Generalidades	45
4.3.3 Microbiota en murciélagos	45
4.4 Roedores	47
4.4.1 Heterómidos	47
Rata canguro de Merriam ( <i>Dipodomys merriami</i> )	48
Rata canguro de Nelson ( <i>Dipodomys nelsoni</i> )	50
Ratón de abazones Chihuahuense ( <i>Chaetodipus eremicus</i> )	51
Ratón de abazones de Nelson ( <i>Chaetodipus nelsoni</i> )	53
4.4.2 Cricétidos	54
Ratón de cactus ( <i>Peromyscus eremicus</i> )	55
Rata magueyera ( <i>Neotoma albigula</i> )	57
4.4.3 Microbiota en roedores	59



<b>V.</b>	<b>MATERIALES Y MÉTODOS</b>	<b>62</b>
5.1	Área de estudio	62
5.2	Trabajo de campo	62
5.2.1	Medidas sanitarias	63
5.2.2	Recolecta de heces de vertebrados diurnos	63
5.2.3	Recolecta de heces de murciélago	63
5.2.4	Captura y colecta de heces de roedores nocturnos	63
5.2.5	Preservación de muestras fecales	64
5.3	Trabajo de laboratorio	64
5.4	Análisis bioinformático	66
5.4.1	Potencial patógeno y/o zoonótico	67
5.4.2	Comparación de la composición de la microbiota bacteriana fecal entre vertebrados	68
<b>VI.</b>	<b>RESULTADOS</b>	<b>69</b>
6.1	Coyote ( <i>Canis latrans</i> )	69
6.2	Gato montés ( <i>Lynx rufus</i> )	74
6.3	Caballo ( <i>Equus caballus</i> )	78
6.4	Vaca ( <i>Bos taurus</i> )	83
6.5	Venado bura ( <i>Odocoileus hemionus</i> )	88
6.6	Liebre cola negra ( <i>Lepus californicus</i> )	93
6.7	Tortuga del Bolsón ( <i>Gopherus flavomarginatus</i> )	97
6.8	Murciélago pálido ( <i>Antrozous pallidus</i> )	102
6.9	Rata canguro de Merriam ( <i>Dipodomys merriami</i> )	108
6.10	Rata canguro de Nelson ( <i>Dipodomys nelsoni</i> )	114
6.11	Ratón de abazones chihuahuense ( <i>Chaetodipus eremicus</i> )	118
6.12	Ratón de bolsillo de Nelson ( <i>Chaetodipus nelsoni</i> )	123
6.13	Ratón de cactus ( <i>Peromyscus eremicus</i> )	128
6.14	Rata magueyera ( <i>Neotoma albigula</i> )	132
6.15	Comparación de la composición de la microbiota bacteriana fecal entre vertebrados	137
<b>VII.</b>	<b>DISCUSIÓN</b>	<b>141</b>
<b>VIII.</b>	<b>CONCLUSIONES</b>	<b>145</b>
<b>XI.</b>	<b>LITERATURA CITADA</b>	<b>146</b>

## ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro	Título	Pág.
1	Clasificación taxonómica del coyote <i>Canis latrans</i> (ITIS, 2019).	24
2	Clasificación taxonómica del gato montés <i>Lynx rufus</i> (ITIS, 2019).	27
3	Clasificación taxonómica del caballo <i>Equus caballus</i> (ITIS, 2019).	30
4	Clasificación taxonómica de la vaca <i>Bos taurus</i> (ITIS, 2019).	32
5	Clasificación taxonómica del venado bura <i>Odocoileus hemionus</i> (ITIS, 2019).	35
6	Clasificación taxonómica de la liebre cola negra <i>Lepus californicus</i> (ITIS, 2019).	38
7	Clasificación taxonómica de la tortuga del Bolsón <i>Gopherus flavomarginatus</i> (ITIS, 2019).	41
8	Clasificación taxonómica del murciélago pálido <i>Antrozous pallidus</i> (ITIS, 2019).	44
9	Clasificación taxonómica de la rata canguro de Merriam <i>Dipodomys merriami</i> (ITIS, 2019).	48
10	Clasificación taxonómica de la rata canguro de Nelson <i>Dipodomys Nelsoni</i> (ITIS, 2019).	50
11	Clasificación taxonómica del ratón de bolsillo Chihuahuense <i>Chaetodipus eremicus</i> (ITIS, 2019).	51
12	Clasificación taxonómica del ratón de abazones de Nelson <i>Chaetodipus nelsoni</i> (ITIS, 2019).	53
13	Clasificación taxonómica del ratón de cactus <i>Peromyscus eremicus</i> (ITIS, 2019).	55
14	Clasificación taxonómica de la rata magueyera <i>Neotoma albigula</i> (ITIS, 2019).	57
15	Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de coyote ( <i>Canis latrans</i> ).	69
16	Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de coyote ( <i>Canis latrans</i> ).	70
17	Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de coyote ( <i>Canis latrans</i> ).	73
18	Prevalencia (%) de géneros bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en muestras fecales de coyote ( <i>Canis latrans</i> ).	73

19	Géneros bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en la muestra fecal de gato montés ( <i>Lynx rufus</i> ).	78
20	Géneros bacterianos potencialmente patógenos registradas en la muestra fecal de Caballo ( <i>Equus caballus</i> ).	82
21	Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de vaca ( <i>Bos taurus</i> ).	83
22	Índices de diversidad alfa para cada muestra de vaca ( <i>Bos taurus</i> )	83
23	Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de vaca ( <i>Bos taurus</i> ).	86
24	Prevalencia (%) de géneros bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en muestras fecales de vaca ( <i>Bos taurus</i> ).	88
25	Número de secuencias fecales obtenidas para cada individuo de venado bura ( <i>Odocoileus hemionus</i> ).	88
26	Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de venado bura ( <i>Odocoileus hemionus</i> ).	89
27	Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de venado bura ( <i>Odocoileus hemionus</i> ).	92
28	Número de secuencias fecales obtenidas para cada individuo de liebre cola negra ( <i>Lepus californicus</i> ).	93
29	Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de liebre cola negra ( <i>Lepus californicus</i> ).	93
30	Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de liebre cola negra ( <i>Lepus californicus</i> ).	96
31	Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de tortuga del Bolsón ( <i>Gopherus flavomarginatus</i> ).	97
32	Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de tortuga del Bolsón ( <i>Gopherus flavomarginatus</i> ).	98
33	Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de tortuga del Bolsón ( <i>Gopherus flavomarginatus</i> ).	100
34	Prevalencia (%) de géneros y especies bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en muestras fecales de tortuga del Bolsón ( <i>Gopherus flavomarginatus</i> ).	102
35	Número de secuencias fecales obtenidas para cada individuo de murciélago pálido ( <i>Antrozous pallidus</i> ).	103
36	Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de murciélago pálido ( <i>Antrozous pallidus</i> ).	103

37	Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de murciélago pálido ( <i>Antrozous pallidus</i> ).	106
38	Prevalencia (%) de géneros y especies bacterianas potencialmente patógenas y zoonóticas registradas en las muestras fecales de murciélago pálido ( <i>Antrozous pallidus</i> ).	106
39	Número de secuencias fecales obtenidas para cada individuo de Rata canguro de Merriam ( <i>Dipodomys merriami</i> ).	108
40	Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de rata canguro de Merriam ( <i>Dipodomys merriami</i> ).	109
41	Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de rata canguro de Merriam ( <i>Dipodomys merriami</i> ).	111
42	Prevalencia (%) de géneros bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en muestras fecales de rata canguro de Merriam ( <i>Dipodomys merriami</i> ).	112
43	Género bacteriano potencialmente patógeno registrado en rata canguro de Nelson ( <i>Dipodomys nelsoni</i> ) según la literatura disponible.	118
44	Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de ratón de abazones chihuahuense ( <i>Chaetodipus eremicus</i> ).	119
45	Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de ratón de abazones chihuahuense ( <i>Chaetodipus eremicus</i> ).	119
46	Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de ratón de abazones chihuahuense ( <i>Chaetodipus eremicus</i> ).	121
47	Prevalencia (%) de géneros y especies bacterianas potencialmente patógenas y zoonóticas registradas en muestras fecales de ratón de bolsillo del desierto de Chihuahua ( <i>Chaetodipus eremicus</i> ).	123
48	Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de ratón de abazones de Nelson ( <i>Chaetodipus nelsoni</i> ).	124
49	Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de ratón de abazones de Nelson ( <i>Chaetodipus nelsoni</i> ).	124
50	Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de ratón de abazones de Nelson ( <i>Chaetodipus nelsoni</i> ).	127
51	Prevalencia (%) de géneros bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en muestras fecales de ratón de abazones de Nelson ( <i>Chaetodipus nelsoni</i> ).	127
52	Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de rata magueyera ( <i>Neotoma albigula</i> ).	132



<b>53</b>	Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de rata magueyera ( <i>Neotoma albigula</i> ).	132
<b>54</b>	Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de rata magueyera ( <i>Neotoma albigula</i> ).	135
<b>55</b>	Prevalencia (%) de géneros bacterianos potencialmente patógenos en muestras fecales de rata magueyera ( <i>Neotoma albigula</i> ).	135

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura	Título	Pág.
1	<i>Canis latrans</i> hembra adulta dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	25
2	<i>Lynx rufus</i> dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	28
3	Individuos de <i>Equus caballus</i> dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	31
4	Individuos de <i>Bos taurus</i> dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	33
5	<i>Odocoileus hemionus</i> dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	36
6	<i>Lepus californicus</i> dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	39
7	<i>Gopherus flavomarginatus</i> macho adulto dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	42
8	<i>Antrozous pallidus</i> dentro de las instalaciones del Laboratorio del Desierto en la Reserva de la Biosfera Mapimí.	46
9	<i>Dipodomys merriami</i> dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	49
10	<i>Dipodomys nelsoni</i> capturado dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	51
11	<i>Chaetodipus eremicus</i> capturado dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	52
12	<i>Chaetodipus nelsoni</i> dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	54
13	<i>Peromyscus eremicus</i> dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	57
14	<i>Neotoma albigula</i> dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	59
15	Ubicación de la Reserva de la Biosfera Mapimí.	62
16	Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra fecal de coyote ( <i>Canis latrans</i> ) sin rarificar.	70
17	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de coyote ( <i>Canis latrans</i> ).	71
18	Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de coyote ( <i>Canis latrans</i> ).	71
19	Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de coyote ( <i>Canis latrans</i> ), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.	72
20	Número de secuencias por el número de OTUs para de muestra fecal de gato montés ( <i>Lynx rufus</i> ) sin rarificar.	74
21	Abundancia relativa (%) de los principales phyla de bacterias fecales de gato montés ( <i>Lynx rufus</i> ).	75
22	Abundancia relativa (%) de las principales clases de bacterias fecales de gato montés ( <i>Lynx rufus</i> ).	76
23	Abundancia relativa (%) de los principales órdenes de bacterias fecales de gato montés ( <i>Lynx rufus</i> ).	76

24	Abundancia relativa (%) de las principales familias de bacterias fecales de gato montés ( <i>Lynx rufus</i> ).	77
25	Abundancia relativa (%) de los principales géneros de bacterias fecales de gato montés ( <i>Lynx rufus</i> ).	77
26	Número de secuencias por el número de OTUs para la muestra fecal de caballo ( <i>Equus caballus</i> ) sin rarificar.	79
27	Abundancia relativa (%) de los principales phyla de bacterias fecales de caballo ( <i>Equus caballus</i> ).	80
28	Abundancia relativa (%) de las principales clases de bacterias fecales de caballo ( <i>Equus caballus</i> ).	80
29	Abundancia relativa (%) de los principales ordenes de bacterias fecales de caballo ( <i>Equus caballus</i> ).	81
30	Abundancia relativa (%) de las principales familias de bacterias fecales de caballo ( <i>Equus caballus</i> ).	81
31	Abundancia relativa (%) de los principales géneros de bacterias fecales de caballo ( <i>Equus caballus</i> ).	82
32	Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra de vaca ( <i>Bos taurus</i> ) sin rarificar.	84
33	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de vaca ( <i>Bos taurus</i> ).	85
34	Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de vaca ( <i>Bos taurus</i> ).	85
35	Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de vaca ( <i>Bos taurus</i> ), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.	87
36	Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra fecal de venado bura ( <i>Odocoileus hemionus</i> ) sin rarificar.	89
37	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de venado bura ( <i>Odocoileus hemionus</i> ).	90
38	Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de venado bura ( <i>Odocoileus hemionus</i> ).	90
39	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales géneros de bacterias fecales de venado bura ( <i>Odocoileus hemionus</i> ).	91
40	Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra de liebre cola negra ( <i>Lepus californicus</i> ) sin rarificar.	94
41	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de liebre cola negra ( <i>Lepus californicus</i> ).	95

42	Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de liebre cola negra ( <i>Lepus californicus</i> ).	95
43	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales géneros de bacterias fecales de liebre cola negra ( <i>Lepus californicus</i> ).	96
44	Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra de tortuga del Bolsón ( <i>Gopherus flavomarginatus</i> ) sin rarificar.	98
45	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de tortuga del Bolsón ( <i>Gopherus flavomarginatus</i> ).	99
46	Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de tortuga del Bolsón ( <i>Gopherus flavomarginatus</i> ).	100
47	Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de tortuga del Bolsón ( <i>Gopherus flavomarginatus</i> ), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.	101
48	Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra de murciélago pálido ( <i>Antrozous pallidus</i> ) sin rarificar.	104
49	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de murciélago pálido ( <i>Antrozous pallidus</i> ).	105
50	Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de murciélago pálido ( <i>Antrozous pallidus</i> ).	105
51	Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de murciélago pálido ( <i>Antrozous pallidus</i> ), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.	107
52	Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra fecal de rata canguro de Merriam ( <i>Dipodomys merriami</i> ) sin rarificar.	109
53	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de rata canguro de Merriam ( <i>Dipodomys merriami</i> ).	110
54	Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de rata canguro de Merriam ( <i>Dipodomys merriami</i> ).	111
55	Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de rata canguro de Merriam ( <i>Dipodomys merriami</i> ), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.	113
56	Número de secuencias por el número de OTUs de la muestra de rata canguro de Nelson ( <i>Dipodomys nelsoni</i> ) sin rarificar.	114
57	Abundancia relativa (%) de los principales phyla de bacterias fecales de rata canguro de Nelson ( <i>Dipodomys nelsoni</i> ).	115
58	Abundancia relativa (%) de las principales clases de bacterias fecales de rata canguro de Nelson ( <i>Dipodomys nelsoni</i> ).	116



<b>59</b>	Abundancia relativa (%) de los principales ordenes de bacterias fecales de rata canguro de Nelson ( <i>Dipodomys nelsoni</i> ).	116
<b>60</b>	Abundancia relativa (%) de las principales familias de bacterias fecales rata canguro de Nelson ( <i>Dipodomys nelsoni</i> ).	117
<b>61</b>	Abundancia relativa (%) de los principales géneros de bacterias fecales de rata canguro de Nelson ( <i>Dipodomys nelsoni</i> ).	117
<b>62</b>	Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra fecal de ratón de abazones chihuahuense ( <i>Chaetodipus eremicus</i> ) sin rarificar.	119
<b>63</b>	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de ratón de abazones chihuahuense ( <i>Chaetodipus eremicus</i> ).	120
<b>64</b>	Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de ratón de abazones chihuahuense ( <i>Chaetodipus eremicus</i> ).	121
<b>65</b>	Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de ratón de abazones chihuahuense ( <i>Chaetodipus eremicus</i> ), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.	122
<b>66</b>	Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra ratón de abazones de Nelson ( <i>Chaetodipus nelsoni</i> ) sin rarificar.	124
<b>67</b>	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de ratón de abazones de Nelson ( <i>Chaetodipus nelsoni</i> ).	125
<b>68</b>	Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de ratón de abazones de Nelson ( <i>Chaetodipus nelsoni</i> ).	126
<b>69</b>	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales géneros de bacterias fecales de ratón de abazones de Nelson ( <i>Chaetodipus nelsoni</i> ).	126
<b>70</b>	Número de secuencias por el número de OTUs de la muestra de ratón de cactus ( <i>Peromyscus eremicus</i> ) sin rarificar.	128
<b>71</b>	Abundancia relativa (%) de los principales phyla de bacterias fecales de ratón de cactus ( <i>Peromyscus eremicus</i> ).	129
<b>72</b>	Abundancia relativa (%) de las principales clases de bacterias fecales de ratón de cactus ( <i>Peromyscus eremicus</i> ).	130
<b>73</b>	Abundancia relativa (%) de los principales ordenes de bacterias fecales de ratón de cactus ( <i>Peromyscus eremicus</i> ).	130

<b>74</b>	Abundancia relativa (%) de las principales familias de bacterias fecales de ratón de cactus ( <i>Peromyscus eremicus</i> ).	131
<b>75</b>	Abundancia relativa (%) de los principales géneros de bacterias fecales de ratón de cactus ( <i>Peromyscus eremicus</i> ).	131
<b>76</b>	Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra de rata magueyera ( <i>Neotoma albigula</i> ) sin rarificar.	133
<b>77</b>	Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de rata magueyera ( <i>Neotoma albigula</i> ).	134
<b>78</b>	Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de rata magueyera ( <i>Neotoma albigula</i> ).	134
<b>79</b>	Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de rata magueyera ( <i>Neotoma albigula</i> ), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.	136
<b>80</b>	Abundancia relativa a nivel phylum de todas las especies bacterianas fecales de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí considerados en el presente estudio.	137
<b>81</b>	Abundancia relativa a nivel familia de todas las especies bacterianas fecales de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí considerados en el presente estudio.	138
<b>82</b>	Abundancia relativa a nivel género de todas las especies bacterianas fecales de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí considerados en el presente estudio.	139
<b>83</b>	Análisis de coordenadas principales (PCoA) de las secuencias bacterianas fecales de los vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí considerados en el presente estudio.	140

## I. INTRODUCCIÓN

Las regiones áridas cubren extensos sectores del planeta tierra las cuales al no ser utilizadas de manera cuidadosa son propensas a la desertificación, lo que conlleva a una amenaza directa a la biodiversidad (Ocaña *et al.*, 1986). Estas regiones albergan una gran biodiversidad, de la cual muchas especies son endémicas y están plenamente adaptadas a la ecología de estas zonas. Estas regiones proporcionan hábitats para el 80% de los mamíferos a nivel mundial (Davies *et al.*, 2012). México es considerado uno de los países con mayor megadiversidad biológica y aproximadamente un 60% de su territorio lo constituyen las zonas áridas, estas regiones concentran una porción importante de la diversidad mexicana que incluyen un gran número de endemismos de especies (Montaño y Monroy 2000).

El Desierto Chihuahuense es el de mayor extensión en Norteamérica y es una región árida con gran riqueza de especies en el mundo, y a su vez uno de los más amenazados (Hoyt, 2002). La Reserva de la Biosfera Mapimí (RBM) es una región representativa de los ecosistemas desérticos de la parte central del Desierto Chihuahuense en el norte de México. La RBM posee una variedad de ecosistemas con elementos biológicos de características especiales de adaptación y una riqueza específica de flora y fauna (CONANP, 2006). La investigación sobre la fauna en esta zona ha permitido realizar un análisis global acerca de la organización funcional de las comunidades de vertebrados del Bolsón de Mapimí, y se han descrito aproximadamente 270 especies de vertebrados. De éstas, 48 se encuentran protegidas y enlistadas en la NOM-059-SEMARNAT-2010 bajo alguna categoría de riesgo (Aragón y Garza, 1999; CONANP, 2006).

Por otra parte, la ganadería extensiva para la cría de ganado bovino y equino ha sido la actividad económica más importante de la zona, y estas especies domesticas han interactuado con la fauna silvestre presente en la reserva (Barral, 1988). Esta actividad antropogénica es una de las principales causas del deterioro ecológico y ha afectado la dinámica ecológica de los individuos en las poblaciones animales. Las especies domésticas, son consideradas portadoras y trasmisoras de

enfermedades a la fauna nativa, ya que dentro de su tracto intestinal poseen especies bacterianas perjudiciales (Álvarez–Romero y Medellín, 2005ab; CONANP, 2006; Stanley y Jones, 2003; Milnes *et al.*, 2008)

La microbiota intestinal es un auxiliar importante en la adquisición de nutrientes y la respuesta inmune del hospedero ya que puede influir en el comportamiento, desarrollo y salud general de todos los vertebrados. Asimismo, es un componente esencial para ciertas funciones necesarias para el organismo (p. ej. la digestión), facilita la obtención de energía, favorece la síntesis de vitaminas, colabora en la protección contra patógenos y regula el desarrollo del intestino (Guarner y Malagelada, 2003; Neish, 2009; Fraune y Bosh, 2010; Qin *et al.*, 2010).

Se ha demostrado que la dieta y la filogenia del hospedero son factores de predicción importantes sobre la composición microbiana del intestino (Eckburg *et al.*, 2005; Ley *et al.*, 2008b). Estudios recientes han sugerido que la dieta del hospedero posee un efecto significativo en la microbiota intestinal, con un aumento en la diversidad de comunidades bacterianas, desde los vertebrados carnívoros a omnívoros, hasta los herbívoros (Ley *et al.*, 2008b; Muegge *et al.*, 2011). En un sentido amplio, el intestino de la mayoría de los vertebrados está dominado por bacterias de los phyla Firmicutes, Bacteroidetes y Proteobacteria, independientemente de la condición alimenticia del hospedero, aunque la proporción de cada grupo varía sustancialmente (Colston y Jackson, 2016). Sin embargo, los patrones de los microbiomas bacterianos de animales expuestos a alimentación intermitente por factores de disponibilidad de alimento no son bien conocidos (Colston y Jackson, 2016).

Muchos vertebrados se someten a ciclos de alimentación y ayuno. Esta condición provoca cambios en la estructura microbiana intestinal con una disminución de abundancia relativa de géneros como *Ruminococcus* y *Coprobacillus* (Costello *et al.*, 2009; Kohl *et al.*, 2014). Aunque la microbiota intestinal posee una amplia gama de bacterias de importancia, muchas de ellas son poco conocidas debido a que no pueden ser cultivadas utilizando técnicas estándar (Colston y Jackson, 2016).



La recolección no invasiva es a menudo la única técnica factible para obtener muestras de bacterias intestinales de vertebrados silvestres (Höss *et al.*, 1992). Debido al fácil acceso que se tiene a la materia fecal de cualquier vertebrado, esta técnica ha sido ampliamente utilizada como referencia para la caracterización de la microbiota bacteriana intestinal (Ritchie *et al.*, 2010; Handl *et al.*, 2011; Hong *et al.*, 2011; Amato, 2013; Menke *et al.*, 2015; Yuan *et al.*, 2015; Godon *et al.*, 2016; Kohl *et al.*, 2017; Pacheco-Torres *et al.*, 2019). La microbiota intestinal ha sido caracterizada utilizando técnicas de cultivo de bacterias tradicionales, las cuales se basan en el aislamiento de aquellas que pueden ser cultivadas en laboratorio y que no necesitan una simbiosis para sobrevivir (Arnold *et al.*, 2016).

Los métodos moleculares como la secuenciación masiva de regiones del gen 16s rRNA han ampliado el conocimiento de estas bacterias en humanos y en otros vertebrados como ratas (Brooks *et al.*, 2003), caballos (Gronvold *et al.*, 2010), perros y gatos (García-Mazcorro y Minamoto, 2013; Handl *et al.*, 2011; Desai *et al.*, 2009), bovinos (Rudi *et al.*, 2012), primates (Yildirim *et al.*, 2010) y reptiles (Costello *et al.*, 2010; Hyde *et al.*, 2016; García-De la Peña *et al.*, 2019ab). Estas técnicas pueden ser de gran utilidad para analizar los cambios que puedan llevarse a cabo en la diversidad bacteriana presente en la fauna.

Actualmente, se observa una pérdida significativa de biodiversidad, la cual dirige a las especies de vertebrados hacia su extinción a ritmos alarmantes. Por lo anterior, la pérdida de la diversidad de los microorganismos que habitan de manera simbiótica dentro de estos hospederos se encuentran bajo las mismas condiciones (Ley *et al.*, 2008b). Los estudios que abordan el papel del microbioma en la salud animal son limitados y muy restringidos. Sin embargo, algunos de ellos han abordado el papel de los simbiontes bacterianos únicos en animales, generando un interés creciente para comprender los factores que afectan el microbioma de los animales y entender como éste se refleja en el estado físico, lo cual puede explicar las diferencias entre los ecosistemas, comunidades, poblaciones y/o las especies. La importancia de la microbiota radica no solo en la configuración del sistema

inmune, sino también en el contexto de los procesos de transmisión de patógenos (Bahrndorff *et al.*, 2016).

El análisis de microbiomas de poblaciones silvestres ha demostrado que las comunidades microbianas dependen de sus hábitats, y se encuentran asociados a las interacciones entre especies (nativas y no nativas) de un determinado lugar. Lo anterior influye en el cambio de la composición de las comunidades microbianas afectadas por la trasmisión de bacterias. Estas interacciones también tienen implicaciones importantes para la conservación y el manejo de diferentes especies dentro del medio ambiente (Bahrndorff *et al.*, 2016).

A la fecha, se han realizado algunos estudios sobre microbiota bacteriana de vertebrados en la Reserva de la Biosfera Mapimí. En dos de ellos se determinó la composición de la microbiota bacteriana oral y fecal de la tortuga del Bolsón (García-De la Peña *et al.*, 2019a; 2019b) y en otro estudio se realizó un análisis preliminar de la microbiota fecal del coyote (Barraza-Guerrero *et al.*, 2017). Sin embargo, debido a la importancia de la microbiota fecal en la salud del hospedero, es importante generar conocimiento sobre la abundancia y diversidad de las bacterias fecales de los vertebrados más abundantes que habitan en la Reserva de la Biosfera Mapimí. Esta información será la línea base para prevenir los cambios que se esperan a mediano y largo plazo debido a los efectos del cambio climático global. La alteración de la temperatura y la humedad del medio ambiente modificarán la estructura y virulencia de las comunidades bacterianas digestivas, lo cual podría romper el equilibrio simbiótico que se mantiene actualmente con el hospedero causando infecciones. Por lo tanto, la información generada en el presente trabajo puede utilizarse para elaborar estrategias de manejo y tratamiento de vertebrados en caso de detectarse enfermedades digestivas causadas por bacterias. Esto complementará las estrategias de conservación que se llevan a cabo en esta reserva.

## **II. OBJETIVO GENERAL**

Analizar la microbiota bacteriana fecal de especies de vertebrados en la Reserva de la Biosfera Mapimí.

### **2.1 Objetivos específicos**

- Determinar la abundancia de las bacterias fecales (phylum a especie) de especies de vertebrados silvestres y domésticos presentes en la reserva.
- Estimar la diversidad alfa y beta de la microbiota bacteriana fecal de especies de vertebrados silvestres y domésticos que habitan en la reserva.
- Establecer el posible potencial patógeno/zoonótico de las bacterias fecales de las especies de vertebrados silvestres y domésticos.

## **III. HIPÓTESIS**

Existen diferencias en la abundancia y diversidad de bacterias fecales entre especies de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí.

## IV. REVISIÓN DE LITERATURA

### 4.1 Carnívoros

Debido a su posición en la cadena alimenticia, las especies del orden Carnívora son afectadas directamente por los cambios en la comunidad de presas con las que coexisten y de las cuales dependen. Por ello, los carnívoros se consideran especies indicadoras del estado de conservación del ecosistema que habitan. Por su especificidad en el uso de coberturas vegetales y requerimientos de espacios amplios, los carnívoros son muy vulnerables a la presión del hombre sobre los ecosistemas (Sunquist y Sunquist, 1989; Poiani *et al.*, 2001; Barea-Azcón *et al.*, 2006; Andrade-Ponce *et al.*, 2015).

#### 4.1.1 Coyote (*Canis latrans*)

##### **Clasificación taxonómica**

**Cuadro 1.** Clasificación taxonómica del coyote *Canis latrans* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	Animalia
<b>Filo</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Carnivora
<b>Familia</b>	Canidae
<b>Género</b>	<i>Canis</i>
<b>Especie</b>	<i>Canis latrans</i> Say, 1823

## Generalidades

Se considera que el coyote (*Canis latrans*, Figura 1) es la especie sobreviviente más antigua del género *Canis*. Éste ha jugado un papel controversial en la ecología de la fauna silvestre de Norteamérica. Su área de distribución abarca desde Alaska en América del Norte, hasta la región norteña de la república de Panamá en América Central (Vaughan, 1983). En este territorio extenso, los coyotes habitan una enorme variedad de ambientes desde pastizales, matorrales desérticos, así como bosques templados y tropicales (Bekoff, 1977). Los coyotes son animales sociales que comúnmente viven en parejas que perduran hasta cuatro años, son de hábitos nocturnos, aunque presentan una actividad diurna alta, principalmente en lugares donde no existe presión humana (Andelt, 1985).



**Figura 1.** *Canis latrans* hembra adulta dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí. **Fotografía tomada de:** Coyotes en México - Scientific Figure on ResearchGate. Disponible en: [https://www.researchgate.net/figure/Figura-112-Coyote-hembra-adulto-capturado-en-la-Reserva-de-la-Biosfera-de-Mapimi-en-el\\_fig2\\_283825607](https://www.researchgate.net/figure/Figura-112-Coyote-hembra-adulto-capturado-en-la-Reserva-de-la-Biosfera-de-Mapimi-en-el_fig2_283825607) [accessed 5 Dec, 2019]

Los coyotes son depredadores medianos que pueden incluir en su dieta a depredadores pequeños; sin embargo, son vulnerables a depredadores más grandes. Su dieta consiste en presas de tallas diversas, pero al igual que la mayoría de los mamíferos depredadores, son consumidores primarios de frutas y materia

vegetal. No son los únicos depredadores con dieta y papel ecológico diversos, pero si son los cánidos con mayor éxito (Hernández y Deliberes, 1994; Hernández *et al.*, 2002).

Desde el punto de vista ecológico, los coyotes juegan un papel importante por su efecto en las poblaciones de mamíferos pequeños, pero prefieren mamíferos medianos y pequeños como liebres, conejos y ratones (Hernández *et al.*, 1994; Hernández *et al.*, 2002).

Los coyotes basan su alimentación mayormente en especies de vertebrados, pero también consumen ciertos invertebrados y materia vegetal como semillas, frutos y pastos (Jhonson y Hansen, 1979; MacCracken y Uresh, 1984). En los ambientes desérticos el alimento más frecuente para *C. latrans* son los mamíferos con dominancia de roedores y lagomorfos, en particular las liebres (*Lepus spp.*) que proveen energía suficiente hasta por dos días. Aunque los coyotes son consumidores oportunistas, pues incluyen en su dieta una diversidad de componentes, se ha demostrado que son altamente selectivos en su alimentación (Hernández y Laundré, 2014).

### **Microbiota de caninos y del coyote**

An *et al.*, (2016), compararon la microbiota de tres especies de carnívoros en cautiverio, En específico, en las muestras de perro mapache (*Nyctereutes procyonoides*) reportaron a Firmicutes como el phylum dominante con una abundancia relativa media del 90% y se clasificaron los phyla Bacteroidetes y Fusobacteria. En rangos taxonómicos más bajos, se caracterizaron bacterias del orden Clostridiales, donde la abundancia relativa media para esta especie fue de 56%. En 2017, Wu *et al.*, colectaron muestras fecales de lobo en semicautiverio en China y se analizaron utilizando secuenciación del gen 16S rRNA. Ellos determinaron la presencia de Bacteroidetes, Fusobacteria, Firmicutes, Proteobacteria y Actinobacteria como predominantes.

Menke *et al.*, (2017), realizaron un estudio similar en chacales de lomo negro (*Canis mesomelas*), en el cual determinaron la presencia de Fusobacteriaceae y

Mogibacteriaceae como las familias más abundantes. De manera más específica, Finlayson-Trick *et al.*, (2017), realizaron un estudio sobre la diferencia taxonómica de los microbios intestinales en coyote y otros mamíferos, donde determinaron una abundancia de los órdenes Clostridiales y Fusobacteriales superior a 35%, después los órdenes Bacteroidales y Burkholderiales con 18.5% y 0.2% respectivamente.

Barraza-Guerrero *et al.*, (2017), realizaron un estudio de secuenciación de las regiones V3-V4 del gen 16S rRNA en muestras fecales de coyote dentro de la Reserva de Mapimí para determinar su abundancia y composición, encontrando la presencia de nueve phyla donde Fusobacteria fue el más abundante (67%), seguido por Firmicutes (26%) y 91 géneros con *Fusobacterium* como el más abundante.

#### 4.1.2 Gato montés (*Lynx rufus*)

##### Clasificación taxonómica

**Cuadro 2.** Clasificación taxonómica del gato montés *Lynx rufus* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	Animalia
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Carnivora
<b>Familia</b>	Felidae
<b>Género</b>	<i>Lynx</i>
<b>Especie</b>	<i>Lynx rufus</i> (Schreber, 1777)

##### Generalidades

El gato montés (*Lynx rufus*, Figura 2) es el felino más estudiado en América del Norte, especialmente sus hábitos alimentarios en Estados Unidos (McCord y Cardoza, 1982). El gato montés es el linco de menor tamaño y el único que aún se encuentra en la mayor parte de su distribución histórica (Miller, 1992).

La alimentación de esta especie la basa principalmente en mamíferos, siendo los lagomorfos y los roedores sus principales presas, aunque también suele alimentarse de venados, aves y reptiles de manera ocasional (Miller y Speake, 1978; Maehr y Brady, 1986; Delibes *et al.*, 1997; Aranda *et al.*, 2002; Luna y López, 2005; McLean *et al.*, 2005). Es un depredador oportunista, pero con cierta selección hacia los lagomorfos (Bailey, 1974; Jones y Smith, 1979; McCord y Cardoza, 1982).

### **Microbiota de felinos y del gato montés**

En gatos domésticos sanos (Handl *et al.*, 2011) se evaluó la microbiota fecal utilizando pirosecuenciación del gen 16S rRNA. Este estudio mostró a los phyla Firmicutes y Actinobacteria como los más abundantes; la clase más prevalente fue Clostridia, dominado por los géneros *Clostridium* y *Ruminococcus*. En un estudio más reciente (He *et al.*, 2018), realizaron un análisis metagenómico del microbioma fecal del tigre de Amur (*Panthera tigris altaica*) en cautiverio, donde se determinó Proteobacteria como el phylum predominante (44.3%), Firmicutes (31.38%), Actinobacteria (9.92%) y Fusobacteria (8.20%). La familia dominante de bacterias en el tigre de Amur fue Enterobacteriaceae.



**Figura 2.** *Lynx rufus* dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.  
**Fotografía tomada de:** Elizalde-Arellano *et al.*, 2014a. Informe final SNIB-CONABIO, proyecto GT022. Acceso 05 de diciembre del 2019.



Han *et al.*, (2019), compara a dos subespecies de leopardo (*Panthera pardus orientalis* y *P. pardus japonensis*) utilizando secuenciación de alto rendimiento de las regiones V3-V4 del gen 16S rRNA, ellos observaron que el phylum Firmicutes (78.4% y 68.6%, respectivamente) fue el más abundante en ambas subespecies; sin embargo, en *Panthera pardus orientalis* el segundo phylum más abundante fue Proteobacteria (9.6%) y Actinobacteria (7.6%), mientras que en *P. pardus japonensis* los phyla predominantes fueron Actinobacteria (11.6%) y Fusobacteria (6.4%). Clostridiales fue el orden más diverso con un 37.9% para el leopardo de Amur (*P. pardus orientalis*) y 45.7% para el leopardo del norte de China (*P. pardus japonensis*).

Asimismo, se han realizado con el género *Lynx*, como el de Núñez-Díaz *et al.*, (2017), quienes describieron la microbiota fecal del lince ibérico (*Lynx pardinus*) en cautiverio utilizando el gen 16S rDNA. Ellos encontraron que los phyla Firmicutes y Proteobacteria fueron los más abundantes. Eshar *et al.*, (2019), realizaron un análisis molecular comparativo de la microbiota fecal de gato montés (*Lynx rufus*) y gatos domésticos (*Felis catus*), utilizando secuenciación Illumina de la región V4 del gen 16S rRNA; ellos reportaron que en ambas especies Firmicutes fue el phylum más abundante, luego seguido por Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes y Verrucomicrobia; sin embargo, al comparar ambas especies, las muestras de gato montés contenían mayor abundancia de Proteobacteria y Actinobacteria.

## 4.2 Herbívoros

Los herbívoros varían en tamaño desde diminutos áfidos hasta elefantes enormes. Algunos de ellos suelen alimentarse solo de hierba, mientras que otros consumen hojas, corteza, savia, raíces, semillas, frutos, flores, néctar o polen. Parte de la energía almacenada en forma de carbohidratos en las plantas, se transforma en tejido del herbívoro, la cual a su vez satisface las necesidades energéticas de los animales del siguiente nivel trófico, los carnívoros. Los herbívoros, situados en el centro de la cadena alimenticia, mantienen el equilibrio de los niveles superiores o inferiores, o lo alteran de forma drástica. De igual forma, los herbívoros ejercen una

presión selectiva marcada sobre las plantas (Dyer *et al.*, 1993; Granados-Sánchez y Ruíz-Puga, 2008).

#### 4.2.1 Caballo (*Equus caballus*)

##### Clasificación taxonómica

**Cuadro 3.** Clasificación taxonómica del caballo *Equus caballus* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	Animalia
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Perissodactyla
<b>Familia</b>	Equidae
<b>Género</b>	<i>Equus</i>
<b>Especie</b>	<i>Equus caballus</i> Linnaeus, 1758

##### Generalidades

El caballo (*Equus caballus*, Figura 3), se distribuye en todo el mundo como especie doméstica y feral. En México, es una especie exótica, la cual se encuentra prácticamente en todo el territorio nacional (Álvarez-Romero y Medellín, 2005a). Dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí, el caballo fue introducido desde finales del siglo XIX hasta mediados del siglo XX como parte del desarrollo de la ganadería extensiva y la agricultura en el área (CONANP, 2006). Sin embargo, esta especie puede estar compitiendo por recursos con especies nativas que se alimentan de pastos o de arbustivas por ramoneo y ejerciendo una presión severa sobre las poblaciones, aunque a su vez, ésta puede ser una presa alternativa para depredadores nativos como coyotes y pumas, además de ser portador y transmisor de enfermedades y parásitos a la fauna nativa (Álvarez-Romero y Medellín, 2005a). El caballo es un mamífero herbívoro no rumiante que consume preferentemente

pastos, algunas plantas pequeñas y puede alimentarse además de frutos, hojas, retoños y hasta corteza (Álvarez-Romero y Medellín, 2005a).



**Figura 3.** Individuos de *Equus caballus* dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí. Fotografía tomada del acervo fotográfico del Laboratorio del Desierto-Reserva de la Biosfera Mapimí

### **Microbiota de caballos**

Costa *et al.*, (2012), utilizando secuenciación de alto rendimiento de las regiones V3-V5 del gen 16S rRNA compararon la microbiota bacteriana fecal de caballos sanos y caballos con colitis. En este estudio reportan Firmicutes (68%) como el phylum predominante en caballos sanos, luego Bacteroidetes (14%) y Proteobacteria (10%), mientras que, en caballos con colitis, el phylum Bacteroidetes fue el más abundante (40%), Firmicutes (30%) y Proteobacteria (18%). O'Donnell *et al.*, (2013), caracterizaron la microbiota intestinal de caballos de carrera de raza irlandesa y demostraron que ésta se encuentra dominada por los phyla Firmicutes, Bacteroidetes, Proteobacteria, Verrucomicrobia, Actinobacteria, Euryarchaeota, Fibrobacteres y Spirochaetes. A nivel género, se clasificaron *Clostridium*, *Fibrobacter*, *Faecalibacterium*, *Ruminococcus*, entre otros.

En caballos alimentados con forraje, utilizando pirosecuenciación de la región V4 del gen 16S rRNA; se identificaron 16 phyla, los cuales 10 se encontraban en todas

las muestras, siendo Firmicutes el más abundante (43.7%), Verrucomicrobia (4.1%), Proteobacteria (3.8%) y Bacteroidetes (3.7%) (Shepherd *et al.*, 2011). En estudios más recientes, Metcalf *et al.*, (2017), evaluaron el impacto de la domesticación y el cautiverio en la microbiota fecal de caballo y encontraron que, aunque las poblaciones bacterianas son distintas, existió un dominio en ambos grupos de los órdenes Clostridiales, Bacteroidales, Erysipelotrichales y Spirochaetales.

Stewart *et al.*, (2018), caracterizaron la microbiota fecal de caballos sanos amplificando la región V1-V2 del gen 16S rDNA, encontrando que las secuencias dominantes pertenecían a los phyla Bacteroidetes (53-58%) y Firmicutes (31-35%). Otros phyla lo fueron Spirochaetes, Fibrobacteres, Proteobacteria y Cyanobacteria, presentes en menor proporción.

#### 4.2.2 Vaca (*Bos taurus*)

##### Clasificación taxonómica

**Cuadro 4.** Clasificación taxonómica de la vaca *Bos taurus* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	Animalia
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Artiodactyla
<b>Familia</b>	Bovidae
<b>Género</b>	<i>Bos</i>
<b>Especie</b>	<i>Bos taurus</i> Linnaeus, 1758

## Generalidades

La vaca (*Bos taurus*, Figura 4) es un rumiante que se caracteriza por su tipo de alimentación y sistema digestivo, ya que es estrictamente herbívora. Su dieta se constituye predominantemente por diversas especies de pastos, aunque algunos individuos consumen hierbas y arbustivas de zonas desérticas (Nowak, 1991; Hernández *et al.*, 1999; Álvarez-Romero y Medellín, 2005b); sin embargo, durante la etapa temprana se alimentan solamente de leche materna, por lo que en esta etapa no se consideran rumiantes (Rural, 2009).



**Figura 4.** Individuos de *Bos taurus* dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí. Fotografía tomada del acervo fotográfico de la Reserva de la Biosfera Mapimí

En México, la vaca es también una especie exótica y en ciertas áreas se distribuyen grupos grandes de bovinos ferales. El ganado bovino en México deriva en parte del ganado español introducido por los conquistadores, aunque hoy en día es posible identificar una diversidad de cruza. Los animales más cercanos al ganado introducido por los españoles, son los denominados criollos puros, se les encuentran en regiones remotas del país, soportan condiciones desérticas y se alimentan de hierbas (Gasque *et al.*, 1989; Álvarez-Romero y Medellín, 2005b).

La introducción de ganado bovino en el Bolsón de Mapimí, inició a finales del siglo XVI; a partir de 1880 se inició el proceso de colonización del Bolsón de Mapimí, lo

que fomentó el desarrollo de la ganadería extensiva (CONANP, 2006). Sin embargo, esta especie puede estar compitiendo por recursos con especies nativas que se alimentan de pastos, y puede estar provocando una presión severa sobre las poblaciones de plantas que forrajean los herbívoros domésticos y silvestres y modificando la dinámica poblacional de plantas y animales, además de ser portador y transmisor de enfermedades a la fauna nativa (Álvarez-Romero y Medellín, 2005b).

### **Microbiota de vaca**

Ozutsumi *et al.*, (2005), analizaron la microbiota fecal del ganado Holstein a través de la secuencia del gen 16S rRNA y determinaron en sus heces los phyla Firmicutes (81.3%), Bacteroidetes (14.4%), Actinobacteria (2.5%) y Proteobacteria (1.4%). Durso *et al.*, (2010) realizaron un análisis en ganado de carne para determinar la variación de la diversidad microbiana fecal. En dicho estudio, la microbiota fecal del ganado se encontró dominada por siete phyla, donde miembros de los Firmicutes (62.8%), Bacteroidetes (29.5%) y Proteobacteria (4.4%) fueron los de mayor abundancia.

Asimismo, Callaway *et al.*, (2010) evaluaron la diversidad bacteriana en rumen y heces de ganado bovino alimentado con granos de diversas especies de plantas utilizando pirosecuenciación del amplicon FLX codificado con etiqueta bacteriana. En ese estudio reportaron una composición bacteriana ruminal y fecal de 259 y 347 especies dentro de 74 y 86 géneros, respectivamente. Sin embargo, solo 25 de ellos fueron los más comunes, siendo *Clostridium* el más abundante en las heces (19.7%). Kim *et al.*, (2014) estudiaron la diversidad bacteriana en heces de ganado alimentado con diferentes componentes de dieta, utilizando pirosecuenciación de siguiente generación del gen 16S rRNA, donde clasificaron a Firmicutes y Bacteroidetes como los phylum dominantes en todas las muestras; a nivel de género, *Oscilibacter*, *Turcibacter*, *Roseburia*, *Fecalibacterium*, *Coprococcus*, *Clostridium*, *Prevotella* y *Succinivibrio* representaron más del 1% de las secuencias totales.

### 4.2.3 Venado bura (*Odocoileus hemionus*)

#### Clasificación taxonómica

**Cuadro 5.** Clasificación taxonómica del venado bura *Odocoileus hemionus* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	Animalia
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Artiodactyla
<b>Familia</b>	Cervidae
<b>Género</b>	<i>Odocoileus</i>
<b>Especie</b>	<i>Odocoileus hemionus</i> Rafinesque, 1817

#### Generalidades

El venado bura (*Odocoileus hemionus*, Figura 5) se distribuye desde Alaska hasta el sur de Baja California, México, se distribuye también en las grandes planicies de Kansas y Nebraska en EUA. En México, el venado bura se asocia a ambientes áridos, incluyendo áreas de los desiertos de Chihuahua y Sonora en Coahuila, Sonora, Chihuahua y Baja California; además habita en porciones del noreste de Durango, norte de Zacatecas, oeste de Nuevo León, noreste de San Luis Potosí y este de Baja California Sur (Harveson *et al.*, 2014; Aranda, 2000). El venado bura es un seleccionador intermedio (ramoneador y pastador) de alimento (Hofmann, 1989) y su dieta incluye una gran diversidad de plantas (Kufeld *et al.*, 1973; Krausman *et al.*, 1997), además suele utilizar distintos tipos de alimentos de acuerdo con la disponibilidad en cantidad y calidad de la vegetación natural o modificada por el disturbio humano (Harveson *et al.*, 2014).





**Figura 5.** *Odocoileus hemionus* dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.  
Fotografía tomada del acervo fotográfico de la Reserva de la Biosfera Mapimí

La variedad de composición de la dieta del venado bura, está asociada a la dinámica de disponibilidad de los recursos durante las estaciones del año en las regiones ecológicas en las que habita (Harveson *et al.*, 2014). Se han identificado 96 especies de plantas consumidas por el venado bura donde el forraje constituye el 80% de su dieta. Una gran proporción de ésta se encuentra constituida por encinos (*Quercus* spp.), guasapol (*Ceanothus* spp.), mezquite (*Prosopis* spp.), Palo fierro (*Olneya tesota*, *Dysodia* spp.) nopales (*Opuntia* spp.), sotol (*Dasyilirion* spp.), yucas (*Yucca* spp.) y algunos pastos (*Mullenberghia* spp. y *Bouteloa* spp.) (Weber y Galindo, 2005).

En el desierto, el venado bura consume mayor cantidad de plantas herbáceas durante la primavera y verano, sin embargo, éstas pueden ser el alimento de mayor importancia durante todas las estaciones en años con presencia de lluvias abundantes (Anderson *et al.*, 1965; Harveson *et al.*, 2014). Los factores nutricionales determinantes para el venado bura son la intensidad de pastoreo de ganado doméstico (Heffelfinger, 2006) y la precipitación; aun cuando es una especie adaptada a climas xéricos, requiere de fuentes de agua la mayor parte del año y las poblaciones están influenciadas por este factor (Mandujano y Gallina, 1996; Weber y Galindo, 2005).



## Microbiota en cérvidos

Guan *et al.*, (2017) caracterizaron las comunidades gastrointestinales de venados sika (*Cervus nippon hortulorum*) silvestres y en cautiverio para comparar su microbiota intestinal utilizando secuenciación de alto rendimiento de la región V3-V4 del gen 16S rRNA en plataforma Hiseq Illumina. Estos autores reportaron Firmicutes (77.62%), Bacteroidetes (18.2%) y Tenericutes (1.32%) como los phyla predominantes en el venado salvaje, mientras que, en los venados en cautiverio, Firmicutes (50.7%) fue el phylum predominante, luego Bacteroidetes (31.9%) y Proteobacteria (4.8%).

Hu *et al.*, (2018), realizaron un análisis de alto rendimiento del gen 16S rRNA para conocer la composición microbiana intestinal del venado almizclero de bosque (*Moschus berezovskii*) durante las cuatro estaciones del año. Los resultados indicaron que los phyla dominantes fueron Firmicutes y Bacteroidetes. Li *et al.*, (2018a), analizaron la composición de la microbiota fecal de siete especies de la subfamilia Cervinae criados en un zoológico y encontraron que Firmicutes y Bacteroidetes fueron dominantes en su microbiota fecal, mientras que a nivel familia, Ruminococaceae fueron comunes en las heces de estas especies.

Li *et al.*, (2018b) compararon la microbiota bacteriana de ciervos almizcleros en cautiverio sanos y diarreicos utilizando secuenciación del gen 16S rRNA de alto rendimiento, donde determinaron como dominantes los phyla Firmicutes, Bacteroidetes, Verrucomicrobia y Proteobacteria. Menke *et al.*, (2019), utilizaron la secuenciación de alto rendimiento del gen 16S rRNA en muestras fecales de ciervo rojo (*Cervus elaphus*) que habitan en el Parque Nacional de Bosque Bávaro e investigaron las diferencias en la microbiota bacteriana intestinal entre individuos en recintos de invierno e individuos que se desplazan libremente en su medio natural. En este estudio, la microbiota bacteriana promedio de ambos grupos, consistió principalmente en los phyla Firmicutes (71.5%), Bacteroidetes (15.55%), Proteobacteria (4.9%), Actinobacteria (3.68%) y Cyanobacteria (1.21%).

Delgado *et al.*, (2017), caracterizaron y compararon la microbiota intestinal de venado cola blanca (*O. virginianus*) en dos periodos utilizando pirosecuenciación del gen 16S rDNA y se cuantificaron asociaciones entre la diversidad de la comunidad y la composición. Los resultados mostraron que la microbiota del venado cola blanca está compuesta predominantemente por los phyla Firmicutes y Proteobacteria, cuyas abundancias relativas variaron conforme los periodos de muestreo.

#### 4.2.4 Liebre cola negra (*Lepus californicus*)

##### Clasificación taxonómica

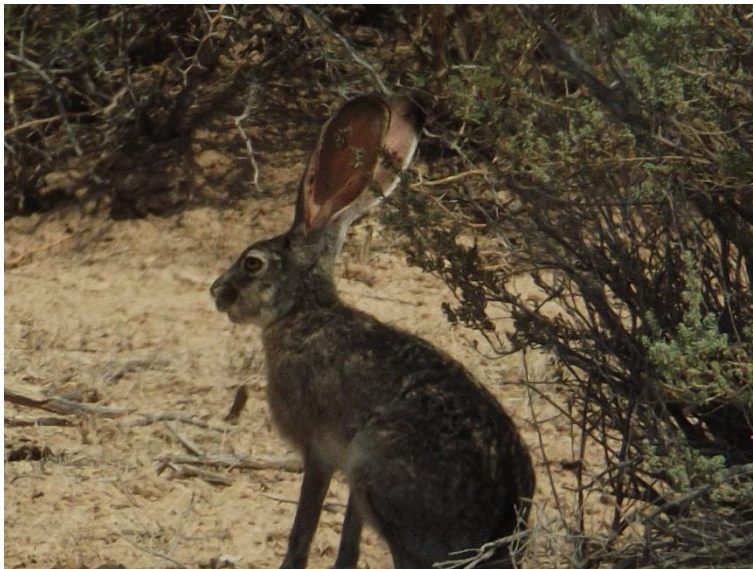
**Cuadro 6.** Clasificación taxonómica de la liebre cola negra *Lepus californicus* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	Animalia
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Lagomorpha
<b>Familia</b>	Leporidae
<b>Género</b>	<i>Lepus</i>
<b>Especie</b>	<i>Lepus californicus</i> Gray, 1837

##### Generalidades

El género *Lepus* comprende 29 especies que se distribuyen ampliamente en ambientes de tundra, estepas y desiertos del nuevo y viejo mundo (Flux y Angermann, 1990; Hoffmann y Smith, 2005). En México, la liebre de cola negra (*Lepus californicus*, Figura 6) se distribuye por la península de Baja California, en el norte y sur y en la mesa central hasta Hidalgo y Querétaro (Villa y Cervantes 2003); habitan principalmente en zonas áridas donde la vegetación es escasa, en la asociación mezquite-pastizal y áreas con zacate grama (*Cynodon dactylon*) (López-Acosta, 1997). La liebre cola negra posee adaptaciones fisiológicas y de

comportamiento para su termorregulación (Reid, 2006). Su alimentación varía sustancialmente de acuerdo con la época del año y sitio, sin embargo, su dieta consta de hierbas, pastos, arbustos jóvenes, cactus e incluso hongos de los cuales extraen el agua necesaria para su supervivencia (Villa y Cervantes, 2003). Dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí, se observó a estos organismos alimentarse de los frutos de *Opuntia* spp. (Elizalde-Arellano, *et al.* 2014b). En México se reconocen 13 subespecies de *L. californicus*; sin embargo, la subespecie que habita la Biosfera Mapimí es *L. c. texianus*, considerada como abundante en el centro del país y los Estados Unidos de América, por lo que no se encuentra bajo ninguna categoría de protección (Hall, 1981; Elizalde-Arellano *et al.*, 2014b).



**Figura 6.** *Lepus californicus* dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.  
Fotografía tomada por: I. Pacheco-Torres, 2018

### **Microbiota de lagomorfos**

Zeng *et al.*, (2015), caracterizaron la microbiota de heces duras y blandas de conejos rex con peso corporal alto y bajo mediante el uso de Illumina MiSeq dirigida a la región V4 del gen 16S rRNA. Determinaron una representación excesiva del género YS2 (Cyanobacteria) y Bacteroidales, así como una representación insuficiente del género *Anaeroplasma* y de la familia Clostridiaceae en heces duras de conejos de gran peso. Por otra parte, miembros de Ruminococcaceae y Akkermansia fueron abundantes en heces blandas.

Kylie *et al.*, (2018), compararon la microbiota fecal de conejos domésticos (*Oryctolagus cuniculi*) en una variedad de entornos (carne comercial, de compañía, laboratorio y refugio) utilizando la secuenciación de la región V4 del gen 16S rRNA. Los resultados indicaron que el phylum Firmicutes fue predominante en todas las muestras, después Verrucomicrobia, Proteobacteria y Bacteroidetes.

Velasco-Galilea *et al.*, (2018), determinaron los cambios en la microbiota de conejo a través del tracto intestinal mediante secuenciación Illumina de los amplicones del gen 16S rRNA en la plataforma MiSeq; ellos detectaron 596 unidades taxonómicas operacionales (OTU, por sus siglas en inglés), donde se reveló que la diversidad microbiana estaba dominada por los phyla Firmicutes (76.4%), Tenericutes (7.8%) y Bacteroidetes (7.4%). Los géneros *Oscillospira* y *Coprococcus* se encontraron de manera abundante en las heces.

De manera específica, se han realizado estudios enfocados al género *Lepus* como el de Posautz *et al.*, (2016), quienes caracterizaron la flora fecal de la liebre parda europea (*Lepus europaeus*) en cautiverio utilizando métodos tradicionales de aislamiento; ellos reportaron que el género *Bacillus* spp. fue el predominante, además del aislamiento de bacterias patógenas como *Escherichia coli* y *Clostridium perfringens* después de que los individuos muestreados hubieran presentado algún tipo de estrés. Asimismo, Stalder *et al.*, (2019), analizaron la microbiota intestinal y fecal de individuos de tres poblaciones de esta especie utilizando secuenciación Illumina MiSeq del gen 16S rRNA. La abundancia de phyla difirió de manera significativa en muestras fecales e intestinales; sin embargo, en ambos tipos de muestra, Firmicutes (45.51%), Bacteroidetes (19.30%), Spirochaetes (7.76%) y Proteobacteria (573%) dominaron la composición de la comunidad microbiana.

#### 4.2.5 Tortuga del Bolsón (*Gopherus flavomarginatus*)

##### Clasificación taxonómica

**Cuadro 7.** Clasificación taxonómica de la tortuga del Bolsón *Gopherus flavomarginatus* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	Animalia
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Reptilia
<b>Orden</b>	Testudines
<b>Familia</b>	Testudinidae
<b>Género</b>	<i>Gopherus</i>
<b>Especie</b>	<i>Gopherus flavomarginatus</i> Legler, 1959

##### Generalidades

La tortuga del Bolsón (Figura 7) es una especie herbívora generalista con preferencia por pastos (el tipo de pasto depende de su disponibilidad). Esta especie consume más de 20 especies de pastos y en la Reserva de la Biosfera Mapimí se alimenta principalmente de zacate toboso (*Hilaria mutica*) y zacate navajita (*Boteloua gracilis*); asimismo, se alimenta de otras especies de la familia Poaceae, y de frutos de *Opuntia* spp. y *Prosopis* spp. (Aguirre, 1995). La distribución de esta especie abarca la región denominada Bolsón de Mapimí al sureste de Chihuahua, oeste de Coahuila y norte de Durango (Morafka *et al.*, 1989). La depredación humana, la pérdida y fragmentación de su hábitat por cambios en el uso de suelo, y los requerimientos de hábitat de esta especie, han causado una reducción en su distribución geográfica (Morafka *et al.*, 1989). Esta especie contribuye de manera importante con la estructura y dinámica del desierto Chihuahuense, ya que dispersa las semillas de las plantas que consume (Trápaga y León, 2006). Además, la

construcción de las madrigueras modifica la riqueza y el porcentaje de la cobertura vegetal alrededor de las mismas. Esta especie es depredada por coyotes (*Canis latrans*), zorros (*Vulpes spp*), tejones (*Taxidea taxus*), correcaminos (*Geococcyx californianus*), halcones (*Falco mexicanus*) y cuervos (*Corvus spp*) (Adest *et al.*, 1989; Trápaga y León, 2006). *Gopherus flavomarginatus* se encuentra bajo la categoría de “peligro de extinción” de la Norma Oficial Mexicana 059 (SEMARNAT, 2010) y en el Apéndice I de la Convención sobre el Comercio Internacional de Especies Amenazadas de Fauna y Flora Silvestres (CITES) desde 1979. Además, se le considera como especie en “peligro crítico” según la Lista Roja de la UICN (Trápaga y León, 2006; Kiester *et al.*, 2018). La Reserva de la Biosfera Mapimí (RBM), se estableció por decreto presidencial como Zona de Protección Forestal en 1979 y después como Reserva de la Biosfera en el 2000 con el objeto de proteger y conservar a esta especie de tortuga. LA RBM abarca los municipios de Mapimí y Tlahualilo en el estado de Durango, Jiménez en el estado de Chihuahua y Francisco I. Madero y Sierra Mojada en Coahuila, México (CONANP, 2006).



**Figura 7.** *Gopherus flavomarginatus* macho adulto dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.

**Fotografía tomada por:** I. Pacheco-Torres, 2017

## Microbiota de tortugas

Abderhman *et al.*, (2016), caracterizaron la microbiota fecal de la tortuga marina *Caretta caretta*, amplificando la región V4 del gen 16S rRNA con secuenciación MiSeq de Illumina. Ellos encontraron que los phyla más abundantes fueron Firmicutes (66%), Proteobacteria (23%) y Bacteroidetes (6.2%). De manera similar, Ahasan *et al.*, (2017), compararon las comunidades de bacterias fecales de tortugas verdes (*Chelonia mydas*) capturadas en medio silvestre y varadas en las regiones centrales de la Gran Barrera de Coral utilizando secuenciación de alto rendimiento dirigido a las regiones V1-V3 del gen bacteriano 16S rRNA. Los resultados indicaron que el phylum Firmicutes predominó en las muestras de tortugas capturadas en medio silvestre, después Bacteroidetes y Proteobacteria. En contraste, en las muestras de los individuos varados, Proteobacteria fue el phylum más dominante, luego Bacteroidetes y Firmicutes.

Por otra parte, se han realizado estudios enfocados al género *Gopherus*, como el de Gaillard (2014), quien describió la comunidad microbiana intestinal de *G. polyphemus* utilizando excretas y amplificando la región V4 del gen 16S rRNA mediante secuenciación Ion Torrent PGM. Él encontró que la comunidad bacteriana intestinal estuvo dominada por Firmicutes (59.7%), Bacteroidetes (15.9%) y Proteobacteria (15.4%). Yuan *et al.*, (2015), caracterizaron la microbiota fecal núcleo de *G. polyphemus* con la región V4 del gen 16S rRNA con MiSeq Illumina y reportaron 14,104 OTUs representando 434 géneros en todas las muestras analizadas. De estos, 1,470 OTUs representados en 296 géneros, constituyeron la microbiota núcleo en el 90% de las muestras. Los phyla dominantes fueron Bacteroidetes y Firmicutes con 36.5% y 36 %, respectivamente. En el caso de los Firmicutes, más del 97% de los OTUs fueron Clostridia asociados a las familias Ruminococcaceae, Lachnospiraceae y Clostridiales sin clasificar.

Actualmente, García-De la Peña *et al.*, (2019b), determinaron la comunidad bacteriana oral de tortuga del Bolsón (*G. flavomarginatus*) en la Reserva de la Biosfera Mapimí amplificando las regiones V3-V4 del gen 16S rRNA. Los resultados indicaron que los phyla Proteobacteria, Actinobacteria y Firmicutes fueron los más

predominantes dentro de las muestras. En las muestras orales, las clases Gammaproteobacteria y Pasteurellales fueron las más abundantes y las familias Pasteurellaceae, Moraxellaceae y Micrococcaceae las más representativas.

García-De la Peña *et al.*, (2019a), compararon la composición de la microbiota bacteriana fecal de la tortuga del Bolsón (*G. flavomarginatus*) en cautiverio y vida libre utilizando secuenciación de siguiente generación de las regiones V3-V4 del gen 16S rRNA. Ellos lograron caracterizar 21 phyla, donde 19 de ellos se encontraron en las tortugas de vida libre y 21 en las de cautiverio. En ambas poblaciones el phylum Firmicutes fue el más abundante (93% en vida libre y 80% en cautiverio). Fibrobacteres (11%) fue el segundo más abundante en los individuos en cautiverio, mientras que, en vida libre lo fue Cyanobacteria con un 2.6%.

### 4.3 Murciélago pálido (*Antrozous pallidus*)

#### 4.3.1 Clasificación taxonómica

**Cuadro 8.** Clasificación taxonómica del murciélago pálido *Antrozous pallidus* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	<b>Animalia</b>
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Chiroptera
<b>Familia</b>	Antrozoidae
<b>Género</b>	<i>Antrozous</i>
<b>Especie</b>	<i>Antrozous pallidus</i> Le Conte, 1856



### 4.3.2 Generalidades

El murciélago pálido o desértico norteño (*Antrozous pallidus*, Figura 8), se le encuentra en regiones áridas y semiáridas del oeste de América del Norte desde México hasta el valle de Okanagan en el centro sur de la Columbia Británica. Esta especie es principalmente insectívora y se alimenta de presas grandes que capturan en el suelo o con menor frecuencia en el vuelo sobre las áreas con vegetación, entre ellos consumen escarabajos, polillas y hasta escorpiones (Hermanson y O'Shea, 1983; Lenhart *et al.*, 2010). Aunque los insectos son los componentes principales de la dieta de los murciélagos, también se ha documentado que suelen alimentarse de lagartijas, murciélagos más pequeños y ratones de bolsillo (*Perognathus flavus*) (Bell, 1982; O'Shea y Vaughan, 1977). En el sur de Arizona esta especie suele alimentarse de inflorescencias de Agave (Barbour y Davis, 1969).

### 4.3.3 Microbiota en murciélagos

Avena *et al.*, (2016), realizaron la caracterización del microbioma de la piel de murciélagos recolectados en 14 sitios del estado de Colorado EUA utilizando secuenciación de la región V4 del gen 16S rRNA. Ellos reportaron la presencia de las clases Gammaproteobacteria, Alphaproteobacteria, Actinobacteria, Betaproteobacteria, Bacilli, Flavobacteria, Cytophagia y Thermoleophilia como representantes del conjunto de datos de todas las muestras. A nivel género se clasificaron 604, siendo *Pseudomonas* (9%) y *Acetivobacter* (5%) los más abundantes. Dietrich *et al.*, (2017), determinaron la microbiota de cuatro especies de murciélagos insectívoros a través de la saliva, orina y materia fecal. En este estudio, las muestras de saliva estuvieron dominadas por Proteobacteria (>90%) con diferencias notables entre especies. En contraste, en las muestras fecales y de orina, el phylum Firmicutes fue el más abundante con 41.5% y 39.3%, respectivamente, después Proteobacteria (32.1% y 32.6%) y Actinobacteria (17.6% y 13.1%).



**Figura 8.** *Antrozous pallidus* dentro de las instalaciones del Laboratorio del Desierto en la Reserva de la Biosfera Mapimí.

Fotografía tomada del acervo fotográfico del Laboratorio de Medicina de la Conservación FCB-UJED

Vengust *et al.*, (2018), evaluaron la microbiota bacteriana fecal de 12 especies de murciélagos en Eslovenia mediante secuenciación de siguiente generación de la región V4 del gen 16S rRNA y encontraron 28 phyla, siendo Proteobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes y Actinobacteria los más abundantes. A nivel phylum no se reportó diferencia significativa entre especies, sin embargo, a niveles taxonómicos más altos existió diferencia en las abundancias de Enterobacteriaceae, Pseudomonadadeae y Chlamydiaceae.

Fofanov *et al.*, (2018) caracterizaron la microbiota del guano como método indirecto de la microbiota intestinal en 10 especies de murciélagos utilizando secuenciación del gen 16S rRNA en MiSeq Illumina. Los perfiles de microbiota de guano, variaron entre las 10 especies, a nivel phylum, Proteobacteria, Firmicutes y Bacteroidetes fueron abundantes en la mayoría de las muestras. Wolkers-Rooijackers *et al.*, (2018), investigaron las comunidades microbianas fecales de 37 individuos de diferentes especies de murciélagos insectívoros de diferentes países mediante reacción en cadena polimerasa (PCR por sus siglas en inglés), y realizando clonaciones y secuenciación del gen 16SrDNA bacteriano, ellos reportaron que los

géneros predominantes son *Carnobacterium*, *Serratia*, *Pseudomonas*, *Enterococcus* y *Yersinia*.

#### **4.4 Roedores**

En el mundo el orden más abundante y diversificado es el de los roedores, pues éste representa aproximadamente el 40% del total de las especies (Ceballos y Galindo, 1984). Los roedores son importantes para el ecosistema en el que habitan por su alta riqueza de especies, sus diversos hábitos tróficos los hacen excelentes dispersores de semillas y polinizadores, siendo esenciales en la estructuración de la vegetación de zonas áridas y reguladores de poblaciones de insectos (Huchon *et al.*, 2002; Aragón *et al.*, 2012). Asimismo, son ideales para medir el estado de conservación de un hábitat debido a que ecológicamente son considerados como indicadores ambientales para evaluar los cambios a corto y mediano plazo. Algunas especies de roedores son sensibles a variaciones en el ambiente por su dependencia a características físicas y climáticas específicas que afectan su fisiología, supervivencia y reproducción (Wilson y Reeder, 2005; Aragón *et al.*, 2012, Tzab-Hernández y Macswiney-González, 2014).

##### **4.4.1 Heterómidos**

La familia Heteromyidae es un grupo de roedores adaptados a matorrales y zonas áridas, este grupo comprende seis géneros (*Chaetodipus*, *Dipodomys*, *Heteromys*, *Liomys*, *Microdipodops* y *Perognathus*) (Schmidly *et al.*, 1993; Williams *et al.*, 1993). Estos géneros tienen abazones en las mejillas que disponen para almacenar alimento. Esta adaptación les permite la recolectar y transportar el alimento de forma muy eficiente en periodos de tiempo cortos (Reichman, 1983). Estos roedores almacenan su alimento en galerías construidas bajo troncos, rocas y arbustos (Espinosa y Chávez, 2005) y son depredadores/removedores sustanciales de semillas, lo cual influye en la estructuración de comunidades de plantas anuales en hábitats desérticos (Sánchez-Cordero y Fleming, 1993). Estos roedores son

granívoros, recolectores y consumidores de frutos y semillas, aunque pueden incluir ocasionalmente en sus dietas materia vegetal adicional y artrópodos (Janzen, 1982; Sánchez-Cordero y Fleming, 1993).

### **Rata canguro de Merriam (*Dipodomys merriami*)**

#### **Clasificación taxonómica**

**Cuadro 9.** Clasificación taxonómica de la rata canguro de Merriam *Dipodomys merriami* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	<b>Animalia</b>
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Rodentia
<b>Familia</b>	Heteromyidae
<b>Género</b>	<i>Dipodomys</i>
<b>Especie</b>	<i>Dipodomys merriami</i> Mearns, 1890

#### **Generalidades**

La rata canguro de Merriam (*Dipodomys merriami*, Figura 9), es un roedor nocturno de la familia Heteromyidae que habita en el desierto Chihuahuense; esta especie vive en ambientes caracterizados por temperaturas extremas y escasa disponibilidad de alimento (Murray *et al.*, 2006). Este roedor ha desarrollado mecanismos para reducir sus pérdidas de agua, lo suficiente y mantener el equilibrio hídrico, uno de estos mecanismos es la obtención del agua través de los procesos metabólicos de su alimento (Soholt, 1975).

Esta especie se distribuye en el sur de los Estados Unidos de América y en México habita en la península de Baja California en el desierto Sonorense y en los estados de Chihuahua, Coahuila, Durango, Zacatecas y San Luis Potosí (Hall 1981; Reid 2006). Habitan las zonas áridas y prefieren sitios con vegetación de pastos y arbustos escasa y en general las zonas abiertas sin vegetación. *D. merriami*

construye madrigueras de poca profundidad y de construcción simple entre las raíces de los arbustos y se alimenta de semillas, pastos y algunos insectos (Elizalde-Arellano, 2014b). Las ratas canguro tienen efectos importantes en la heterogeneidad espacial y temporal de la vegetación, mediante el consumo y distribución de semillas y partes de plantas; además, transforma el suelo al construir sus madrigueras. Debido a estos hábitos contribuyen en la diversidad de especies vegetales locales formando microhábitats (Fields *et al.*, 1999; Murrieta-Galindo y Cautle-García, 2016).



**Figura 9.** *Dipodomys merriami* dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.  
Fotografía tomada del acervo fotográfico del Laboratorio de Medicina de la Conservación FCB-UJED

## Rata canguro de Nelson (*Dipodomys nelsoni*)

### Clasificación taxonómica

**Cuadro 10.** Clasificación taxonómica de la rata canguro de Nelson *Dipodomys Nelsoni* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	Animalia
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Rodentia
<b>Familia</b>	Heteromyidae
<b>Género</b>	<i>Dipodomys</i>
<b>Especie</b>	<i>Dipodomys nelsoni</i> Merriam, 1907

### Generalidades

La rata canguro de Nelson (*Dipodomys nelsoni*, Figura 10) es una especie endémica de México (Aragón, 2006). Esta especie se distribuye en el desierto Chihuahuense en el este de Chihuahua y noreste de Durango; también habita al este y sureste de Coahuila, suroeste de Nuevo León y parte de San Luis Potosí y Zacatecas. La rata canguro habita en sustrato arenoso-rocoso. En Mapimí, Durango a estos roedores se les encuentra en zonas de pastizal y de matorral en menor abundancia (Best, 1988; Hernández *et al.*, 2005; Hernández y Landré, 2011; Elizalde-Arellano *et al.*, 2014b).



**Figura 10.** *Dipodomys nelsoni* capturado dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.

Fotografía tomada por: Dra. Cristina García De la Peña, 2017

### **Ratón de abazones Chihuahuense (*Chaetodipus eremicus*)**

#### **Clasificación taxonómica**

**Cuadro 11.** Clasificación taxonómica del ratón de bolsillo Chihuahuense *Chaetodipus eremicus* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	Animalia
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Rodentia
<b>Familia</b>	Heteromyidae
<b>Género</b>	<i>Chaetodipus</i>
<b>Especie</b>	<i>Chaetodipus eremicus</i> Mearns, 1898



## Generalidades

El ratón de abazones chihuahuense (*Chaetodipus eremicus*, Figura 11) se distribuye en el desierto Chihuahuense, en el norte y centro de México en los estados de Chihuahua, Coahuila y San Luis Potosí, y en el suroeste de los Estados Unidos de América, específicamente en Nuevo México y Texas (Hall, 1981). Este roedor se asocia a suelos aluviales blandos o arenosos, es raro encontrarlo en áreas rocosas (Davis and Schmidly, 1994; Findley *et al.*, 1975; Jones y Manning 1991; Yancey, 1997) y vegetación de matorral de desierto como acacias, gobernadora, mezquite, tasajillo y algunos pastos; sin embargo, en ocasiones se le encuentra en áreas ribereñas (Schmidly 1977; Yancey, 1997; Root *et al.*, 1999).

Esta especie es estrictamente nocturna y se alimenta principalmente de semillas, incluidas las de la maleza de escoba (*Gutierrezia* sp.), gobernadora (*Larrea* sp.) y mezquite (*Prosopis* sp.), las cuales deposita en las bolsas de las mejillas (Davis y Schmidly 1994); asimismo se alimentan de pastos cuando las semillas son escasas (Schmidly, 1977).



**Figura 11.** *Chaetodipus eremicus* capturado dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.

Fotografía tomada del acervo fotográfico del Laboratorio de Medicina de la Conservación FCB-UJED



## Ratón de abazones de Nelson (*Chaetodipus nelsoni*)

### Clasificación taxonómica

**Cuadro 12.** Clasificación taxonómica del ratón de abazones de Nelson *Chaetodipus nelsoni* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	<b>Animalia</b>
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Rodentia
<b>Familia</b>	Heteromyidae
<b>Género</b>	<i>Chaetodipus</i>
<b>Especie</b>	<i>Chaetodipus nelsoni</i> Merriam, 1894

### Generalidades

El ratón de abazones de Nelson (Figura 12), se distribuye en el sureste de Nuevo México, el oeste de Texas y en el centro-norte de México (Hall, 1981). Se le encuentra en sitios de pendientes escarpadas, terrenos arenosos, en pilas de rocas y en riberas o laderas rocosas (Bailey, 1905; Blair, 1940; Blair, 1949; Boer y Schmidly, 1977). A *Ch. nelsoni* se le encuentra en hábitats con vegetación predominada por nopal (*Opuntia spp*), gobernadora (*Larrea tridentata*), ocotillo (*Fouquieria splendens*), mezquite (*Prosopis sp*), sotol (*Dasyilirion sp*), lechuguilla (*Agave lechuguilla*), pasto grama (*Cynodon dactylon*) y candelilla (*Euphorbia antysiphilitica*) (Best, 1994).

El ratón de abazones de Nelson es un roedor estrictamente nocturno que abandona la madriguera al anochecer. Las madrigueras las construye en las bases de los arbustos espinosos del desierto y rara vez exploran cubiertas de arbustos o rocas. Se alimentan particularmente de semillas de diversas especies de arbustos y pastos; además consume insectos y otras partes de las plantas. Los alimentos los

transportan en bolsas externas en las mejillas, los cuales almacenan en cámaras de su sistema de madrigueras (Best, 1994; Schmidly, 1999). Debido a sus hábitos alimenticios, el ratón de abazones de Nelson, desempeña un papel importante en la dispersión de semillas de la vegetación del desierto, distribuyendo las especies nativas de la zona, además de actuar como una base de alimento de búhos y serpientes. Las estructuras de sus madrigueras airean los suelos en los que se encuentra. *Ch. nelsoni* es considerada una especie indicadora de los pastizales del desierto Chihuahuense, y es una especie muy característica y abundante dentro de su zona de distribución (Best, 1994).



**Figura 12.** *Chaetodipus nelsoni* dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí. Fotografía tomada del acervo fotográfico del Laboratorio de Medicina de la Conservación FCB-UJED

#### 4.4.2 Cricétidos

La familia Cricetidae es una familia extremadamente diversa, pertenece a la superfamilia Muroidea, la cual está representada por ratas y ratones de campo (León-Tapia, 2014). Se trata de las familias de mamíferos con más especies (n=681) clasificadas en 130 géneros y en 6 subfamilias (Arvicolinae, Cricetinae, Lophiomyinae, Neotominae, Sigmodontinae y Tylomynae) (ADW, 2014). Estas especies se extienden por Norteamérica, Sudamérica, Europa y la mayor parte de

Asia desde el sur y hasta el norte de China. Los cricétidos ocupan un espectro de hábitats muy amplio e incluye climas secos, húmedos, cálidos y fríos (ADW, 2014).

En México, los cricétidos están representados por 23 géneros y 142 especies (Ramírez-Pulido *et al.*, 2014). Algunos de sus géneros incluyen una riqueza de especies alta, se distribuyen a lo largo del país como las ratas *Neotoma*, los ratones *Reithrodontomys* y *Peromyscus*. Otros géneros son menos diversos y su distribución se restringe a pequeñas áreas como las ratas *Xenomys* y *Nelsonia* o los ratones *Osgoodomys* (León-Tapia, 2014).

En México, los cricétidos se han adaptado a diversos ambientes ecológicos, desde las selvas tropicales hasta las zonas templadas de bosque de coníferas, además por su tamaño pequeño, adaptaciones de masticación, alimentación y reproducción, constituyen el grupo de roedores y de los mamíferos en general, con mayor éxito (Cervantes y Ballesteros, 2012).

### Ratón de cactus (*Peromyscus eremicus*)

#### Clasificación taxonómica

**Cuadro 13.** Clasificación taxonómica del ratón de cactus *Peromyscus eremicus* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	Animalia
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Rodentia
<b>Superfamilia</b>	Muroidea
<b>Familia</b>	Cricetidae
<b>Subfamilia</b>	Neotominae
<b>Género</b>	<i>Peromyscus</i>
<b>Especie</b>	<i>Peromyscus eremicus</i> Baird, 1858

## Generalidades

La distribución del ratón de cactus (*Peromyscus eremicus*, Figura 13), abarca los estados de Texas, Nuevo México, Arizona, California, Nevada y Utah en Estados Unidos de América. En México esta especie se extiende por Baja California, Sinaloa, Sonora, Coahuila, Chihuahua, Durango, Nuevo León, San Luis Potosí, Guanajuato y Zacatecas (Veal y Caire, 1979). Esta especie es común en hábitats ribereños y de arbustos del desierto, habita en diversas asociaciones ecológicas como pastos y mezquites, o en asociaciones representadas con matorrales de salvia y laderas, incluso en asociaciones de bosques espinosos cortos y arbustos del desierto de Sonora (Blair, 1943; Vaughn, 1954; Caire, 1978). Puede también habitar en ambientes rocosos, pero muestra preferencia por sustratos arenosos y suelos arcillosos (Long, 1940; MacMillen, 1964; Lewis, 1972).

La dieta de este roedor consiste principalmente de frutas y flores de arbustos. Las semillas, los insectos y la vegetación verde suele consumirla en cantidades variables según la abundancia estacional (Bradley y Mauer, 1973; Meserve, 1976) y forrajea en árboles de mezquite y arándanos (Davis, 1966). Los ratones de cactus suelen estimular el sopor durante el verano para conservar el agua y prolongar las reservas de alimentos o cuando el suministro de energía es limitado (MacMillen, 1964, 1965). *P. eremicus* es parasitado por el nemátodo *Gongylonema peromysci*, 15 especies de ácaros, nueve especies de niguas, cuatro especies de garrapatas, 17 especies de pulgas y por dos especies de piojos (Anoplura) (Whitaker, 1968; Wrenn y Loomis, 1974). En San Luis Potosí, la mayoría de los individuos capturados, tenían larvas grandes de mosca bot (Oestridae) debajo de la piel de sus flancos, espalda o entre sus hombros (Dalquest, 1951).



**Figura 13.** *Peromyscus eremicus* dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí. Fotografía tomada del acervo fotográfico del Laboratorio de Medicina de la Conservación FCB-UJED

### Rata magueyera (*Neotoma albigula*)

#### Clasificación taxonómica

**Cuadro 14.** Clasificación taxonómica de la rata magueyera *Neotoma albigula* (ITIS, 2019).

<b>Reino</b>	<b>Animalia</b>
<b>Phylum</b>	Chordata
<b>Clase</b>	Mammalia
<b>Orden</b>	Rodentia
<b>Familia</b>	Cricetidae
<b>Género</b>	<i>Neotoma</i>
<b>Especie</b>	<i>Neotoma albigula</i> Hartley 1894

## Generalidades

La rata magueyera (*Neotoma albigula*, Figura 14) es principalmente de hábitos nocturno, se le encuentra en una variedad de hábitats amplia a lo largo de su rango geográfico (Brown, 1968). Esta especie se distribuye desde el sureste de California y el sureste de Utah, hasta el centro de Texas, noreste de Michoacán e Hidalgo en México. En el norte del estado de Chihuahua, *N. albigula* coexiste con otras especies de *Neotoma* (Anderson, 1972; Macedo y Mares, 1988). En áreas desérticas, aunque estas especies de ratas enfrentan temperaturas de verano que frecuentemente están por debajo de los límites letales, han logrado sobrevivir ya que presentan una cantidad reducida de pelaje y un sistema vascular eficiente, además de mantenerse en sus madrigueras durante las temperaturas ambientales altas (Brown, 1968).

Además, la capacidad de *N. albigula* para sobrevivir en hábitats áridos, se ve favorecida por las adaptaciones de comportamiento como la nocturnidad y la elección de alimentos ricos en agua para satisfacer su requerimiento hídrico (Lee, 1963; Schmidt-Nielsen y Schmidt-Nielsen, 1952); el consumo de agua se relaciona inversamente con su disponibilidad en el hábitat (Boice, 1969; Boice y Boice, 1968). Debido a su tamaño, estas ratas requieren más agua que las ratas canguro o los ratones de abazones. Se ha demostrado que la rata magueyera es altamente vulnerable a la desecación, ya que no tiene capacidad para concentrar urea y electrolitos en la orina como lo hacen la mayoría de los roedores (Schmidt-Nielsen *et al.*, 1948) durante las épocas más secas del año.

Los cactus ricos en agua constituyen aproximadamente el 90% de la dieta de este murido, lo que ha llevado a este roedor a generar una adaptación fisiológica de consumir el ácido oxálico, un componente del cactus que suele ser altamente tóxico para otros mamíferos (Schmidt-Nielsen, 1964). Como para la mayoría de las especies que habitan los ecosistemas desérticos, el agua es considerada un factor limitante para las poblaciones de esta rata en ciertas regiones (Olsen, 1976).

A *N. albigula* se le encuentra principalmente en regiones áridas y con frecuencia se le asocia con grupos de nopales (*Opuntia* sp.), ya que se ha reportado que esta cactácea determina su abundancia, además de tratarse de un recurso utilizado por este roedor como fuente de agua más que de alimento (Olsen, 1976). Cuando el nopal no está disponible, las fuentes alternativas de alimento son las yucas y los enebros (Freeman, 1974). Las áreas con gran cantidad de materia vegetal muerta, mejora la población de esta rata, debido a que proporciona cobertura y material de construcción para su vivienda (Armstrong, 1972; Blair, 1954).



**Figura 14.** *Neotoma albigula* dentro de la Reserva de la Biosfera Mapimí.  
Fotografía tomada del acervo fotográfico del Laboratorio de Medicina de la Conservación FCB-UJED

Se ha documentado que la actividad de la rata magueyera aumenta la cantidad de sales solubles totales, bicarbonatos y iones de nitrato en el suelo, atribuido a las excretas y los materiales utilizados para construir sus madrigueras. Además, este roedor contribuye a la aireación del suelo y la filtración de agua en las zonas en que habita al excavar para construir sus madrigueras (Greene y Reynard, 1932).

#### **4.4.3 Microbiota en roedores**

Khol *et al.*, (2014), compararon las comunidades microbianas en cámaras intestinales y las heces en roedores herbívoros (*Neotoma* spp.) mediante secuenciación del gen 16S rRNA. El phylum Firmicutes fue dominante en el

estómago, ciego e intestino grueso, mientras que Bacteroidetes comprendió la mayor comunidad del intestino anterior, intestino delgado y las heces. Weldon *et al.*, (2015), caracterizaron la microbiota intestinal de ratones (*Mus musculus domesticus*) silvestres utilizando secuenciación de alto rendimiento; sus resultados mostraron que Firmicutes y Bacteroidetes fueron los phyla más abundantes en todas las muestras con una media de 68% y 22%, respectivamente.

Maurice *et al.*, (2015), realizaron secuenciación del gen 16S rRNA de ratones silvestres (*Apodemus sylvaticus*) en dos bosques, donde determinaron que los individuos estaban colonizados por 10 phyla bacterianos, dominados por Firmicutes, Bacteroidetes y Proteobacteria. Dentro del phylum Firmicutes, *Lactobacillus* fue el más abundante. Li *et al.*, (2017), realizaron un análisis basado en la secuenciación del gen 16S rRNA de muestras luminarias y de la mucosa del tracto digestivo de rata. Se identificaron 21 grupos taxonómicos. La mayor parte de los taxa pertenecieron a Firmicutes (78.7%) y el resto se distribuyó entre los phyla Bacteroidetes (9.1%), Proteobacteria (6.6%), bacterias no clasificadas (2.7%), Tenericutes (1.0%), Actinobacteria (0.8%), Cyanobacteria (0.5%), Deferribacteres (0.3%) y Deinococcus-Thermus (0.1%).

Debebe *et al.*, (2017), reportaron el microbioma fecal de la rata topo desnuda (*Heterocephalus glaber*) en estado de vida avanzado utilizando secuenciación Illumina mediante las regiones V3-V4 del gen 16S rRNA. Los phyla predominantes de las muestras fueron Firmicutes (40.8%), Bacteroidetes (38.8%), Spirochaetes (12%), Actinobacteria (2.7%), Proteobacteria (2.6%) y Sinergistetes (1.3%). Ericsson *et al.* (2018), caracterizaron la microbiota del intestino de ratón bajo la influencia de diversos factores de cría. La microbiota fecal de la muestra de referencia fue dominada por los phyla Bacteroidetes y Firmicutes, mientras que los phyla Actinobacteria, Cyanobacteria, Deferribacteres, Proteobacteria, TM7 y Tenericutes fueron reportados en menor abundancia.

Schmidt *et al.*, (2019), caracterizaron la microbiota fecal de ratones ciervos (*Peromyscus maniculatus*) en cautiverio y vida libre. Los datos se analizaron mediante secuenciación Illumina HiSeq del gen 16S rRNA. Los phyla Firmicutes

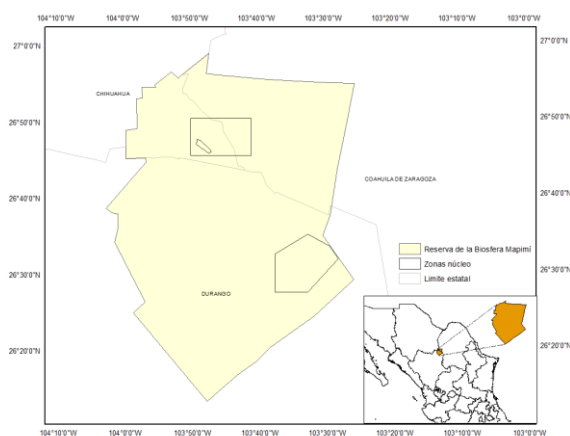


(68.9% y 41.1%), Bacteroidetes (20.72% y 50.22%) y Proteobacteria (8.53% y 5.5%) se encontraron como predominantes entre los individuos en cautiverio y silvestres, respectivamente.

## V. MATERIALES Y MÉTODOS

### 5.1 Área de estudio

La Reserva de Biósfera Mapimí (Figura 15) ocupa una superficie de 342,388 ha y comprende parte de los estados de Chihuahua, Coahuila y Durango, México (26°00' y 26°10' N y 104°10' y 103°20' O; 1250 msnm). El clima es árido, semicálido BWhw (e), con una temperatura media anual de 25.5°C y lluvias en verano con una precipitación media anual de 264mm (García, 2004). La vegetación abundante son los matorrales rosetófilo y micrófilo, así como la vegetación halófila y gipsófila (Rzedowski, 2006).



**Figura 15.** Ubicación de la Reserva de la Biosfera Mapimí.  
Fotografía tomada por: I. Pacheco-Torres, 2018

### 5.2 Trabajo de campo

Para llevar a cabo la toma de muestras fecales se solicitó permiso de colecta científica ante la Dirección General de Vida Silvestre de la Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales (folios 004059/18 y 02241/19).

El trabajo de campo se realizó durante la última semana de julio y la primera semana de agosto de 2018 y 2019 (10 días por muestreo).

### **5.2.1 Medidas sanitarias**

Durante el muestreo, se tomaron las debidas precauciones para evitar el contacto directo entre las heces y el personal del equipo de trabajo, previniendo la transmisión de microorganismos. Cada integrante del equipo utilizó cubre bocas y pares de guantes desechables.

### **5.2.2 Recolecta de heces de vertebrados diurnos**

La recolecta de heces de vertebrados diurnos se realizó durante las primeras horas de luz del día, realizando recorridos en transectos de 1 km de longitud para coleccionar heces frescas de vertebrados con actividades diurnas. Para la identificación de las excretas encontradas se usó la referencia de Aranda-Sánchez (2012).

### **5.2.3 Recolecta de heces de murciélago**

La recolecta de heces de murciélago se realizó en una colonia de murciélago *Antrozous pallidus* dentro del Laboratorio del Desierto del INECOL en la Reserva de la Biosfera Mapimí (Medellín *et al.*, 2008). Para la toma de muestras fecales se colocó una manta blanca estéril debajo de los individuos para evitar contaminación de las heces con microorganismos del suelo al momento de caer.

### **5.2.4 Captura y colecta de heces de roedores nocturnos**

Para determinar los sitios de trampeo de roedores se llevó a cabo un recorrido previo de exploración en el área de estudio. La ubicación de los sitios de trampeo se llevó a cabo con base en la cobertura vegetal, presencia de refugios y evidencias indirectas de la presencia de roedores (Elizalde-Arellano *et al.*, 2014b); para ello, durante la noche (0800 a 0400 hrs) a lo largo de un transecto (Nichols y Conroy, 1996; Romero-Almaraz *et al.*, 2007) se colocaron 37 trampas tipo Sherman manteniendo una distancia entre cada una de ellas de 15 m (Romero-Almaraz *et al.*, 2007). Dentro de las trampas se colocó cebo compuesto por una mezcla de avena, plátano y vainilla (Romero-Almaraz *et al.*, 2007). Las trampas se revisaron

cada dos horas para determinar aquellas que se encontraran activas; los roedores capturados se colocaron en cajas de plástico transparentes, se les tomó fotografías y fueron identificados a nivel de especie utilizando claves taxonómicas (Álvarez-Castañeda *et al.*, 2015). Posteriormente, fueron liberados en el mismo sitio de captura. Para evitar muestrear un mismo roedor, a los individuos capturados se les colocó una marca en la cola con pintura textil no tóxica. Las muestras fecales depositadas en la caja plástica fueron recolectadas con pinzas estériles.

### **5.2.5 Preservación de muestras fecales**

La preservación de muestras se realizó colocando aproximadamente 0.25 gramos de las muestras colectadas de las diferentes especies de vertebrados en tubos para lisis celular ZR BashingBead™ del kit Xpedition™ Zymo BIOMICS™ de la marca Zymo Research™ y se agregaron 750 µl de solución lisante/estabilizadora para conservar el DNA viable. Posteriormente, cada tubo fue procesado en un disruptor celular TerraLyzer™ durante 30 segundos y se conservó a temperatura ambiente.

### **5.3 Trabajo de laboratorio**

La fase de laboratorio se llevó a cabo en el Laboratorio de Medicina de la Conservación de la Facultad de Ciencias Biológicas-UJED y en el Laboratorio Nacional en Salud: Diagnóstico Molecular y Efecto Ambiental en Enfermedades Crónico-Degenerativas de la UNAM ubicado dentro de las instalaciones de la Facultad de Estudios Superiores-Iztacala, Ciudad de México.

*Extracción de DNA.* - La extracción del DNA se llevó a cabo a partir de las muestras fecales utilizando el kit Xpedition™ Zymo BIOMICS™ de la marca Zymo Research™. Este proceso se llevó a cabo en una campana de flujo laminar UV con todos los protocolos de esterilidad para evitar la contaminación de las muestras. Los productos de extracción de DNA se corrieron en geles de agarosa al 1.2% a 80V durante 45 minutos en cámara de electroforesis BIO-RAD para visualizar la presencia de DNA de alto peso molecular. La visualización se llevó a cabo en un fotodocumentador GelMax™ (UVP®).

*Cuantificación del DNA.* - La cantidad de DNA obtenida a partir de las muestras se midió en un fluorómetro marca Qubit® 3.0.

*Secuenciación masiva de siguiente generación.* - Se llevó a cabo la amplificación de las regiones V3-V4 del gen 16S rRNA. Para ello, se emplearon los primers sugeridos por Klindworth *et al.*, (2013). Estas secuencias fueron S-D-Bact-0341-b-S-17 5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3' y S-D-Bact-0785-a-A-21 5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3', las cuales producen un amplicón de ~460 pb. Al unir estas secuencias a los adaptadores "overhang" del protocolo 16S de Illumina (2013) quedaron de la siguiente manera: 5'-TCGTCGGCAGCGTCAGATGTGTATAAGAGACAGCCTACGGGNGGCWGCAG-3' y 5'-GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAGGACTACHVGGGTATCTAATCC-3' (amplicón de ~550 pb). Para este proceso, se utilizó el protocolo de PCR 16S de Illumina (2013) empleando 12.5 µl de MyTaq™ Ready Mix 1X (Bioline®), 1 µl de cada primer (10 nM), 5 µl de DNA (50 ng totales) y 5.5 µl de H<sub>2</sub>O Grado Molecular; se utilizó el siguiente ciclo: 95°C por 3 minutos; 25 ciclos de 95°C por 30 segundos, 55°C por 30 segundos, 72°C por 30 segundos; 72°C por 5 minutos en un termociclador Labnet Multigene™ Gradient PCR. Se colocó 1 µl de algunos productos de PCR en un chip de Bioanalyzer DNA 1000 para verificar el tamaño del amplicon (~550 pb).

Se realizó la purificación de los amplicones con perlas Agencourt® AMPure® XP al 0.8%. Posteriormente, los amplicones se etiquetaron utilizando Nextera XT Index Kit™ para la creación de las bibliotecas, siguiendo el protocolo de Illumina (2016), empleando 25 µl de MyTaq™ Ready Mix 1X (Bioline®), 5 µl de cada primer (N7xx y S5xx), 5 µl de DNA y 10 µl de H<sub>2</sub>O grado molecular; se utilizó el siguiente ciclo: 95°C por 3 minutos; 10 ciclos de 95°C por 30 segundos, 55°C por 30 segundos, 72°C por 30 segundos; 72°C por 5 minutos. Se realizó la purificación de las bibliotecas con perlas Agencourt® AMPure® XP al 1.2%. Se colocó 1 µl de la biblioteca final de algunos productos de PCR seleccionados al azar en un chip de Bioanalyzer DNA 1000 para verificar el tamaño del amplicon esperando un tamaño de ~630 pb.

Finalmente, se realizó la cuantificación, normalización (equimolaridad), la agrupación de las bibliotecas y la secuenciación masiva de siguiente generación (MiSeq Illumina® de 2x250 lecturas de final pareado) siguiendo el protocolo para metagenómica 16S (Illumina, 2013).

#### **5.4 Análisis bioinformático**

Los resultados de la secuenciación se almacenaron en la aplicación digital de Illumina BaseSpace en formato FASTQ. El análisis de las secuencias se realizó en Oracle VM VirtualBox 5.1.14 en la plataforma MGLinux mediante el software bioinformático Quantitative Insights Into Microbial Ecology (QIIME) v.1.9.0 (Caporaso *et al.*, 2010). El proceso se inició ensamblando las secuencias forward y reverse utilizando el programa PEAR (Zhang *et al.*, 2014) con un traslape de 50 pb, una longitud mínima por lectura de 430 pb y máxima de 470 pb, un criterio de calidad Q30, el cual considera una base errónea por cada 1000 bases y un valor de  $P < 0.0001$ . Enseguida, los archivos fueron convertidos a formato FASTA y se llevó a cabo la eliminación de secuencias quiméricas de las muestras con USEARCH (Edgar, 2010).

La selección de OTUs se realizó con el método UCLUST (Edgar, 2010) al 97% de similitud; se obtuvo una secuencia representativa para cada OTU y se asignó la taxonomía tomando como referencia la base de datos EzBioCloud (Yoon *et al.*, 2017). Después se construyó la tabla de OTUs en formato biom (Biological observation matrix; McDonald *et al.*, 2012), donde se separaron los dominios y se filtraron los singletons (OTUs que solo tuvieron una observación), esto último de acuerdo con Navas-Molina *et al.*, (2013).

Para cada especie de vertebrado se obtuvieron las tablas de abundancia absoluta de OTUs y se graficó el número de secuencias por el número de taxa, en la categoría género, para observar si se logró una profundidad de cobertura adecuada (curvas de tendencia asíntota); estas gráficas se realizaron en PAST ver 3.15 (Hammer *et al.*, 2001).

Para aquellas especies de vertebrados que contaban con dos o más muestras se llevó a cabo un proceso de rarefacción aleatoria simple (Weiss *et al.*, 2017)

tomando el máximo valor de secuencias compartidas por todas las muestras de la especie. De esta forma se obtuvo un archivo BIOM estandarizado para cada vertebrado.

La diversidad alfa se calculó con los índices de Shannon y Simpson para cada especie de vertebrado.

Se obtuvieron las abundancias relativas para phylum, familia y género y se graficaron en Excel como gráficas de barras, en Krona (Ondov, 2011) como gráficas de sectores o en Morpheus (Morpheus, <https://software.broadinstitute.org/morpheus>) como gráficos de calor según convino. Para las gráficas de calor, se utilizó el método de conglomerados jerárquicos con medida euclidiana para generar un dendograma de las muestras. Posteriormente, para aquellos vertebrados que contaron con dos o más muestras se llevó a cabo la determinación de la microbiota núcleo al 100% (OTUs presentes en todas las muestras); esto se llevó a cabo a nivel de género con el comando `compute_core_microbiome.py`.

#### **5.4.1 Potencial patógeno y/o zoonótico**

Cada género y especie de bacterias registradas para cada especie de vertebrado fue consultada en la literatura disponible para indicar su posible potencial patógeno o zoonótico en vertebrados (Jackson *et al.*, 1980; Love *et al.*, 1980; Podschun y Ullmann, 1998; Stoffel *et al.*, 2000; Acha y Szyfres, 2001; Pienaar *et al.*, 2003; Tu *et al.*, 2004; Garrity *et al.*, 2005; Díaz-Peromingo *et al.*, 2006; Gomez *et al.*, 2006; Meerburg y Kijlstra, 2007; Oehler *et al.*, 2009; McClure, 2012; Martínez *et al.*, 2013; Álvarez-Hernandez *et al.*, 2015; Estell *et al.*, 2016; Julie-Gard, 2016; Acke, 2018; Ferreira *et al.*, 2018; Hazeleger *et al.*, 2018; García-De la Peña *et al.*, 2019).

#### **5.4.2 Comparación de la composición de la microbiota bacteriana fecal entre vertebrados**

Se generaron gráficas de abundancia relativa comparativas entre las diferentes especies de vertebrados a nivel de phylum, familia y género en el programa QIIME. Se calculó la diversidad beta (similitud) entre especies mediante el índice de Bray-Curtis (Beals, 1984) cuya matriz se utilizó para realizar un análisis de coordenadas principales (PCoA) el cual se visualizó en el programa Emperor (Vázquez-Baeza *et al.*, 2013).



## VI. RESULTADOS

### 6.1 Coyote (*Canis latrans*)

Se analizaron tres muestras fecales de tres individuos diferentes de coyotes adultos. La media del número total de secuencias obtenidas para las tres muestras antes del ensamblaje fue de 241,849 y la media de secuencias ensambladas fue de 35,165 y la media de secuencias desechadas fue 206,683; en promedio se eliminaron 192 quimeras, dejando una media de secuencias de calidad de 34,848. Tras la asignación taxonómica, se obtuvo una media de secuencias bacterianas de 33,604 que después de eliminar los singletons fue de 25,672 (Cuadro 15).

Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que todas las curvas alcanzaron la asíntota a partir de 15,000 secuencias; el proceso de rarefacción se realizó a 18,000 secuencias (Figura 16). La media del índice de diversidad de Shannon fue de 4.8 y de Simpson de 0.84 (Cuadro 16).

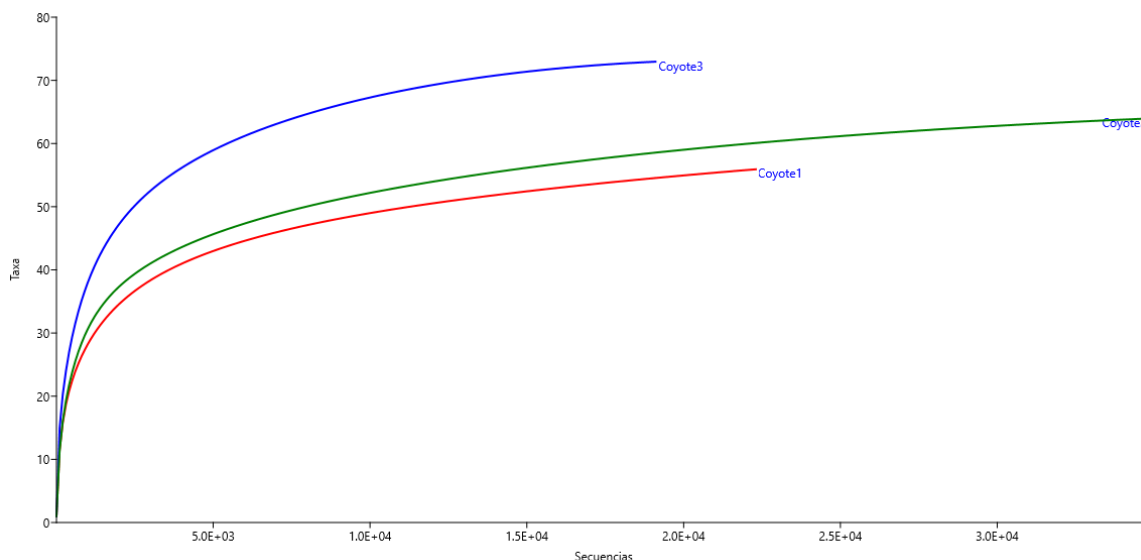
**Cuadro 15.** Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de coyote (*Canis latrans*).

Individuo	Totales	<sup>1</sup> Ens	<sup>2</sup> Des	<sup>3</sup> QE	<sup>4</sup> SC	<sup>5</sup> SB	<sup>6</sup> SBSS
1	302,633	31,278	271,355	126	31,054	29,727	22,578
2	195,822	47,988	147,834	269	47,562	46,145	35,105
3	227,092	26,230	200,862	181	25,966	24,940	19,334
Media	241 849	35 165	206 683	192	34 848	33 604	25 672

<sup>1</sup>Ensamblas, <sup>2</sup>Desechadas, <sup>3</sup>QE: quimeras eliminadas, <sup>4</sup>SC: secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, <sup>5</sup>SB: secuencias bacterianas después de la asignación taxonómica, <sup>6</sup>SBSS: secuencias bacterianas después de la eliminación de los singletons.

**Cuadro 16.** Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de coyote (*Canis latrans*).

Muestra	Índice Shannon	Índice Simpson
1	4.5	0.78
2	4.8	0.86
3	5.0	0.88
Media	4.8	0.84

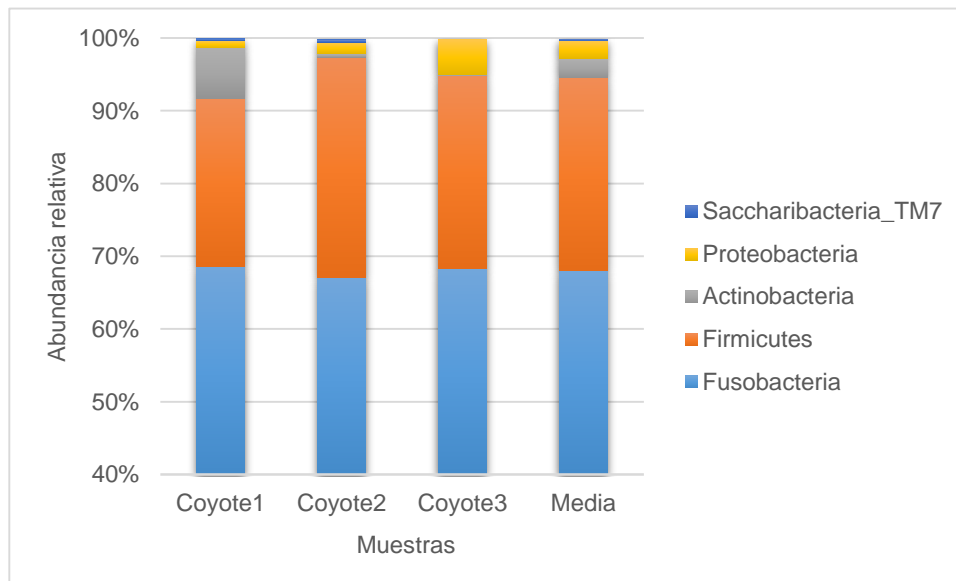


**Figura 16.** Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra fecal de coyote (*Canis latrans*) sin rarificar.

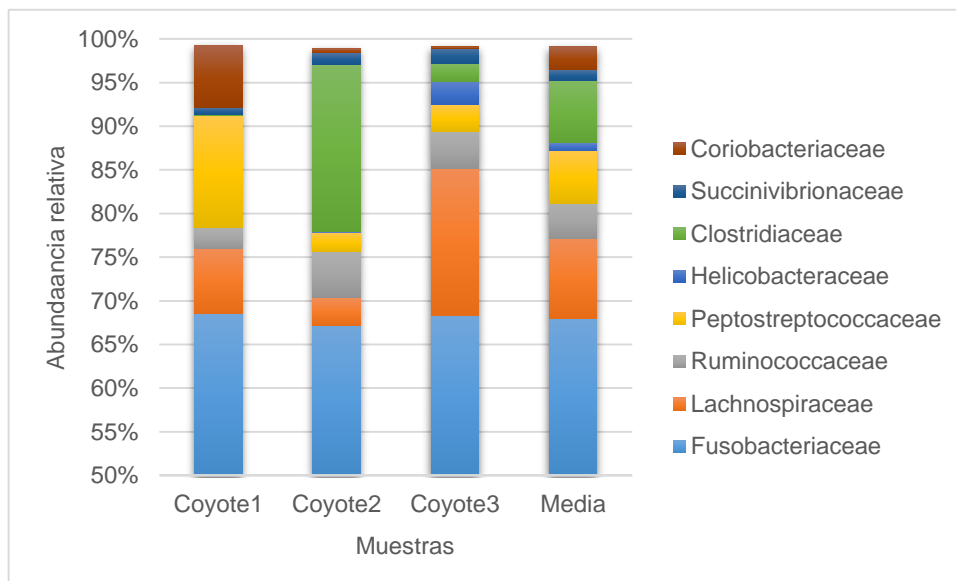
Se registraron nueve phyla, de los cuales Fusobacteria ( $\bar{x}$ =68%), Firmicutes ( $\bar{x}$ =26.6%), Actinobacteria ( $\bar{x}$ =2.5%), Proteobacteria ( $\bar{x}$ =2.4%) y Saccharibacteria\_TM7 ( $\bar{x}$ =0.18%) fueron los más abundantes (Figura 17). Se determinaron 14 clases, entre las que Fusobacteria\_c ( $\bar{x}$ =68%), Clostridia ( $\bar{x}$ =26.5%), Coriobacteria ( $\bar{x}$ =2.5%), Gammaproteobacteria ( $\bar{x}$ =1.2%) y Epsilonproteobacteria ( $\bar{x}$ =1.03%) mostraron los porcentajes más altos.

Se obtuvieron 19 órdenes de los cuales Fusobacteriales fue el más abundante ( $\bar{x}$ =68%), seguido por Clostridiales ( $\bar{x}$ =26.5%), seguido por Coriobacteriales ( $\bar{x}$ =2.5%), Aeromonadales ( $\bar{x}$ =1.27%) y Campylobacteriales ( $\bar{x}$ =1.03%). De las 27 familias registradas predominaron Fusobacteriaceae ( $\bar{x}$ =68%), Lachnospiraceae ( $\bar{x}$ =9.17%), Clostridiaceae ( $\bar{x}$ =7.1%), Peptostreptococcaceae ( $\bar{x}$ =6.0%) y Ruminococcaceae

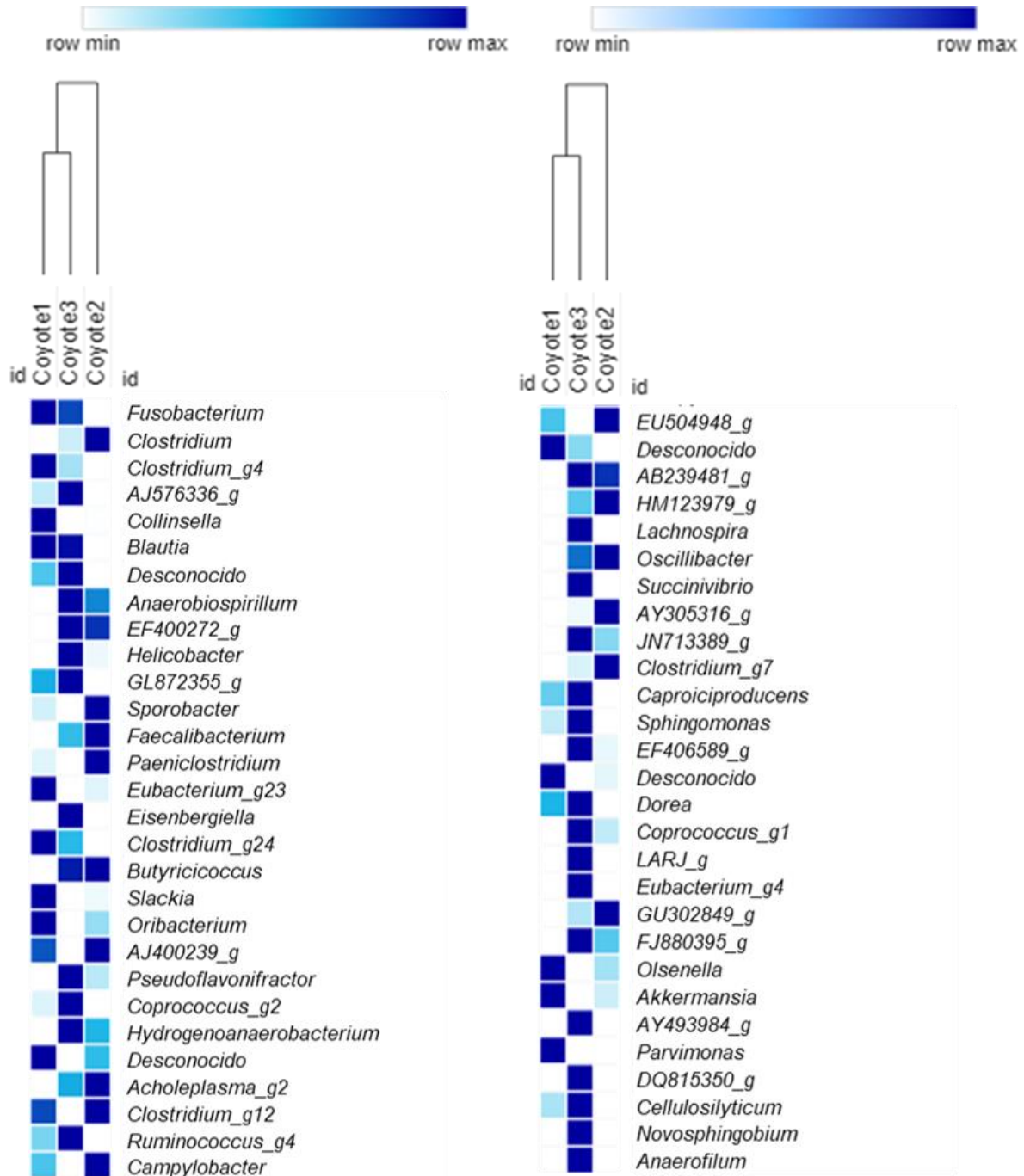
( $\bar{x}$ =3.9%) (Figura 18). Se reportaron 87 géneros donde los más abundantes fueron *Fusobacterium* ( $\bar{x}$ =68%), *Clostridium* ( $\bar{x}$ =7.1%), *Clostridium\_g4* ( $\bar{x}$ =5.3%), *AJS76336\_g* ( $\bar{x}$ =3.14%) y *Collinsella* ( $\bar{x}$ =2.2%). El mapa de calor de los géneros cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01% se muestra en la Figura 19. Se contabilizaron 87 especies las cuales no se conocen.



**Figura 17.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de coyote (*Canis latrans*).



**Figura 18.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de coyote (*Canis latrans*).



**Figura 19.** Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de coyote (*Canis latrans*), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.

Los géneros que se registraron como microbiota núcleo se muestran en el cuadro 17. Con base en los resultados, se determinaron tres géneros de bacterias que, según la literatura disponible, son organismos patógenos o zoonóticos en cánidos (cuadro 18).

**Cuadro 17.** Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de coyote (*Canis latrans*).

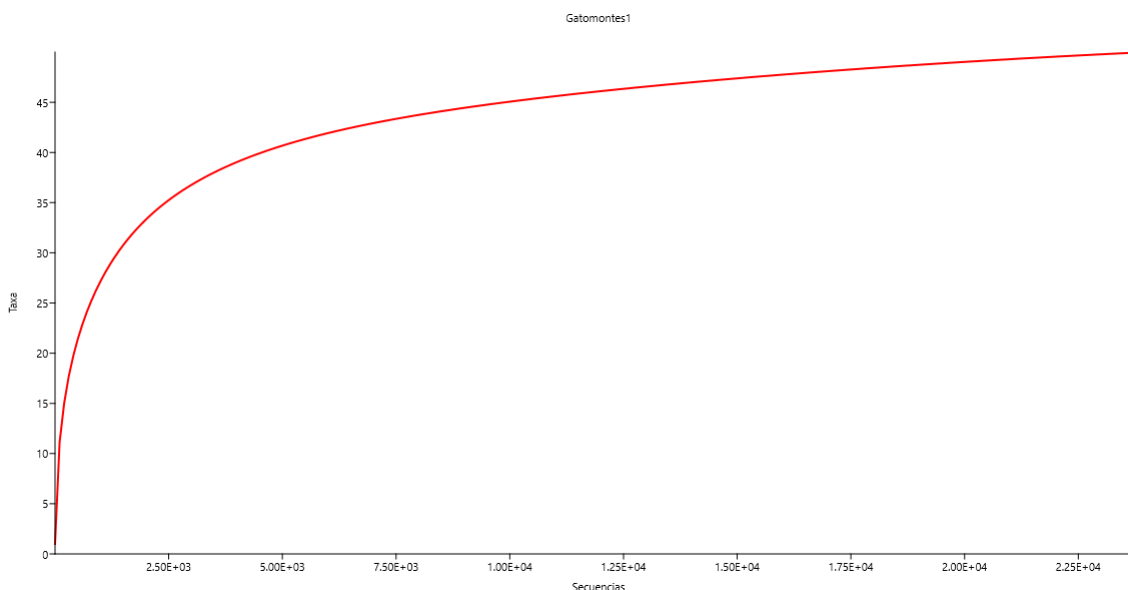
Géneros	
AB239481_g	<i>Eubacterium_g23</i>
<i>Acholeplasma_g2</i>	<i>Faecalibacterium</i>
AJ576336_g	FJ880395_g
<i>Anaerobiospirillum</i>	<i>Fusobacterium</i>
AY305316_g	GL872355_g
<i>Blautia</i>	<i>Helicobacter</i>
<i>Butyricicoccus</i>	HM123979_g
<i>Campylobacter</i>	<i>Hydrogenoanaerobacterium</i>
<i>Caproiciproducens</i>	<i>Novosphingobium</i>
<i>Clostridium</i>	<i>Oribacterium</i>
<i>Clostridium_g12</i>	<i>Oscillibacter</i>
<i>Clostridium_g24</i>	<i>Paeniclostridium</i>
<i>Clostridium_g4</i>	<i>Pseudoflavonifractor</i>
<i>Clostridium_g7</i>	<i>Ruminococcus_g4</i>
<i>Collinsella</i>	<i>Slackia</i>
<i>Dorea</i>	<i>Sporobacter</i>
EF400272_g	<i>Succinivibrio</i>
<i>Eisenbergiella</i>	

**Cuadro 18.** Prevalencia (%) de géneros bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en muestras fecales de coyote (*Canis latrans*).

Género y especie	Gram	Potencial	(%)	Referencia
<i>Campylobacter</i>	-	Zoonótico	100	Bonachea, 2013.
<i>Fusobacterium</i>	-	Zoonótico	100	Oehler <i>et al.</i> , 2009.
<i>Helicobacter</i>	-	Patógena/zoonótico	100	Stoffel <i>et al.</i> , 2000; Gomez <i>et al.</i> , 2006.

## 6.2 Gato montés (*Lynx rufus*)

Las secuencias obtenidas antes del ensamblaje fueron 256,847, las ensambladas fueron 31,880 y las desechadas fueron 224,467; se eliminaron 243 quimeras, dejando 31,557 secuencias de calidad. Tras la asignación taxonómica, se obtuvieron 30,467 secuencias bacterianas, las cuales después de eliminar los singletons quedaron 24,070. Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que la curva alcanzó la asíntota aproximadamente a las 12,500 secuencias (Figura 20). Los índices de diversidad de Shannon y Simpson fueron de 3.9 y 0.75 respectivamente.

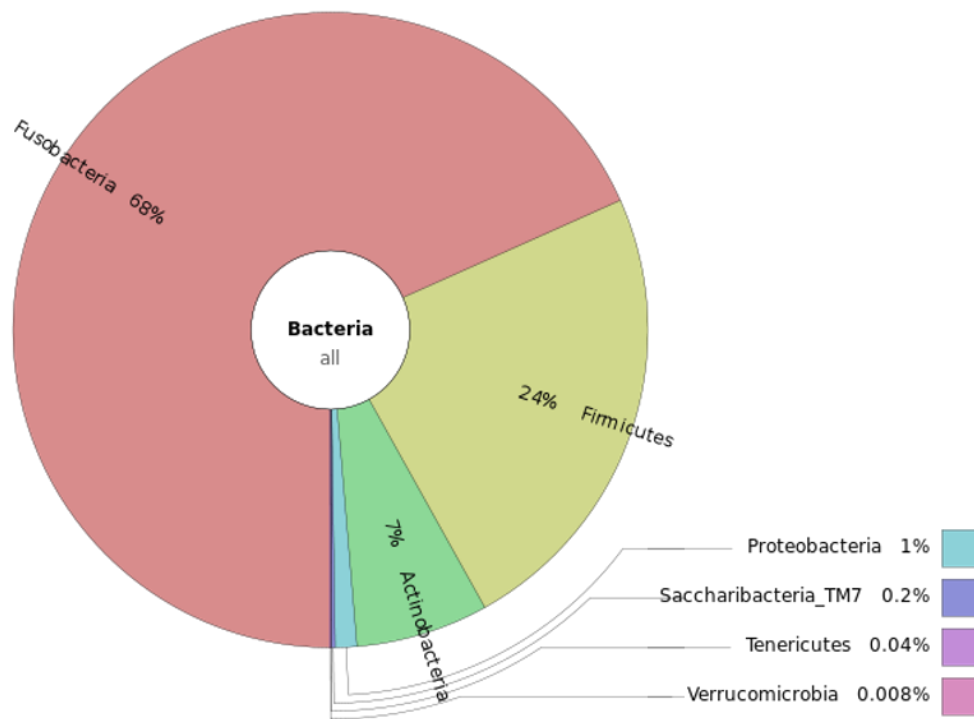


**Figura 20.** Número de secuencias por el número de OTUs para de muestra fecal de gato montés (*Lynx rufus*) sin rarificar.

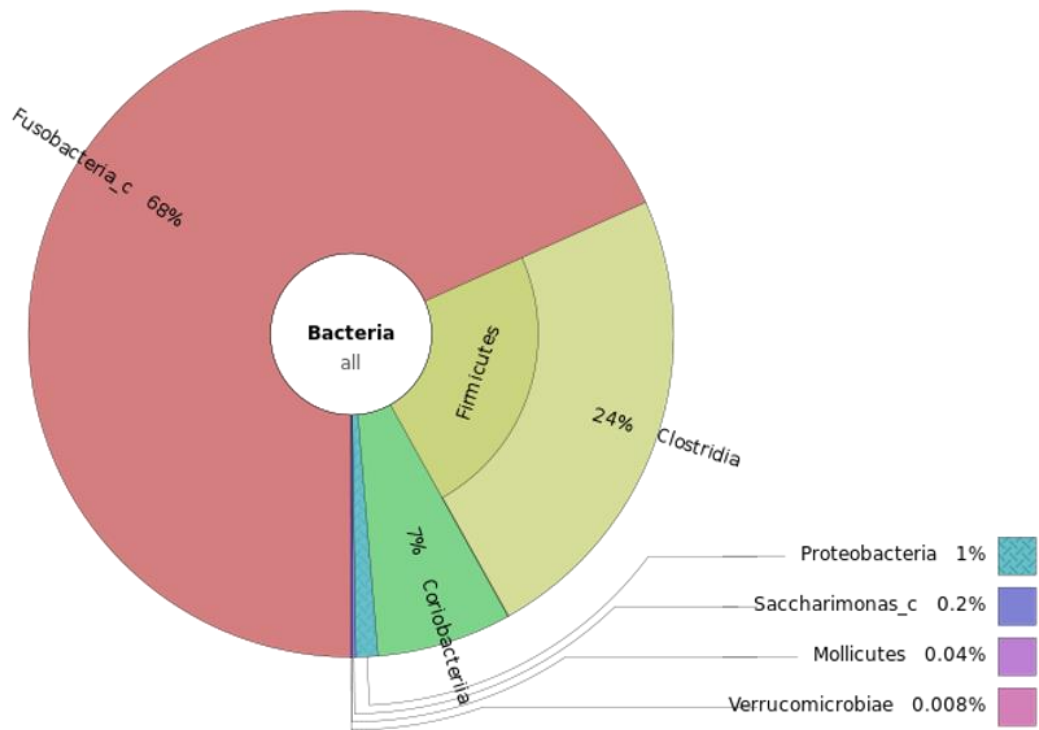
Siete phyla fueron registrados, de los cuales Fusobacteria (68%), Firmicutes (23.6%), Actinobacteria (6.7%), Proteobacteria (1.1%) y Saccharibacteria\_TM7 (0.18%) fueron los más abundantes (Figura 21). Se determinaron nueve clases, entre las que Fusobacteria\_c (68.3%), Clostridia (23.5%), Coriobacteria (6.7%), Gammaproteobacteria (1.0%) y Saccharimonas\_c (0.2%) mostraron los porcentajes más altos (Figura 22). Se obtuvieron nueve órdenes de los cuales Fusobacteriales fue el más abundante (68.3%), luego Clostridiales (23.5%), seguido por

Coriobacteriales (6.7%), Aeromonadales (0.96%) y Saccharimonas\_o (0.2%) (Figura 23). De las 13 familias registradas predominaron Fusobacteriaceae (68.3%), Peptostreptococcaceae (12.5%), Lachnospiraceae (7.8%), Coriobacteraceae (6.7%) y Ruminococcaceae (2.9%) (Figura 24).

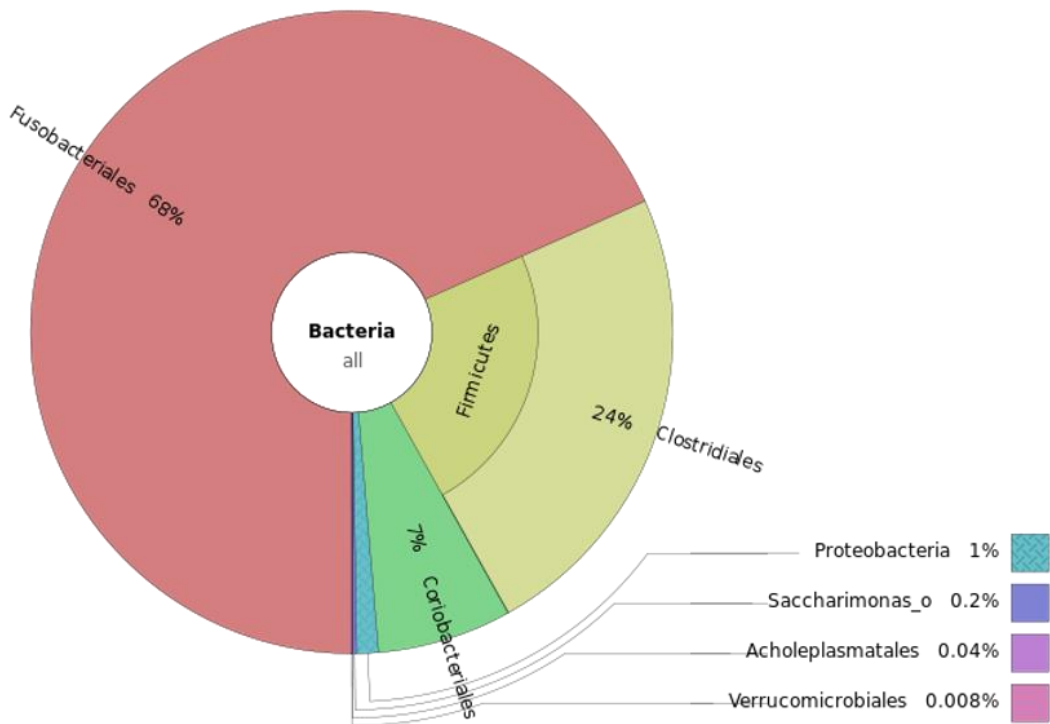
Se reportaron 46 géneros (Figura 25) donde los más abundantes fueron *Fusobacterium* (68.3%), *Clostridium\_g4* (12.1%), *Collinsella* (6.0%), *Clostridium\_g24* (2.6%) y *Blautia* (2.1%). Se contabilizaron 47 especies de las cuales el 93.7% no se conoce, 4.2% posee nomenclatura clave y solo el 2.1% tiene nombre conocido (*Fusobacterium nucleatum*).



**Figura 21.** Abundancia relativa (%) de los principales phyla de bacterias fecales de gato montés (*Lynx rufus*).

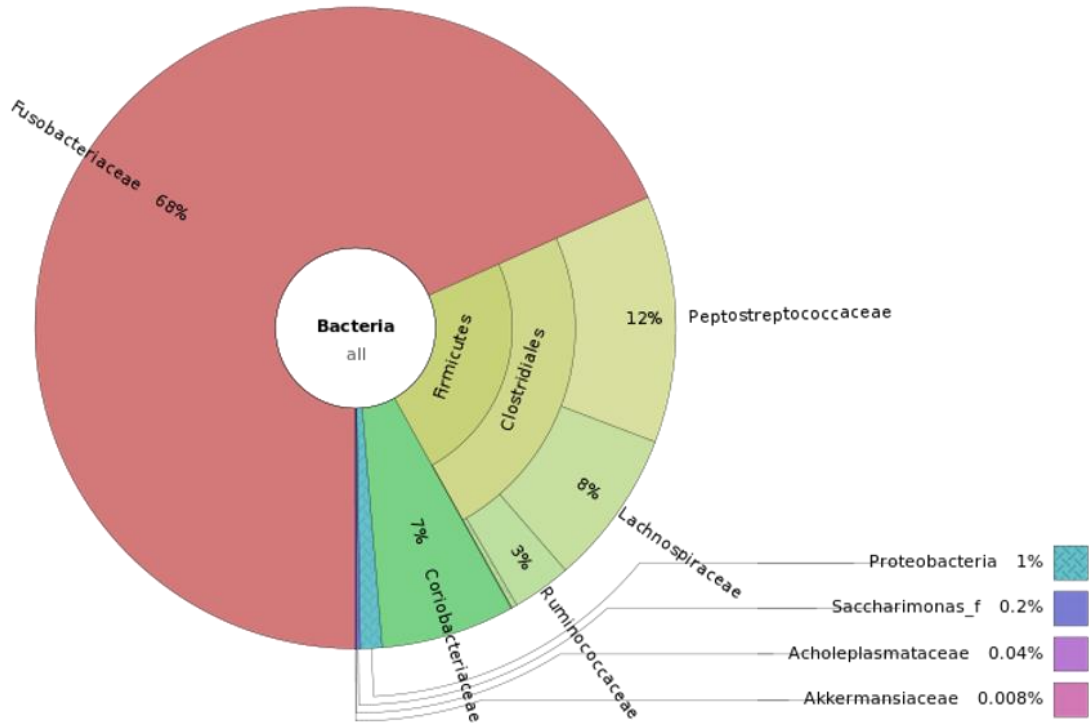


**Figura 22.** Abundancia relativa (%) de las principales clases de bacterias fecales de gato montés (*Lynx rufus*).

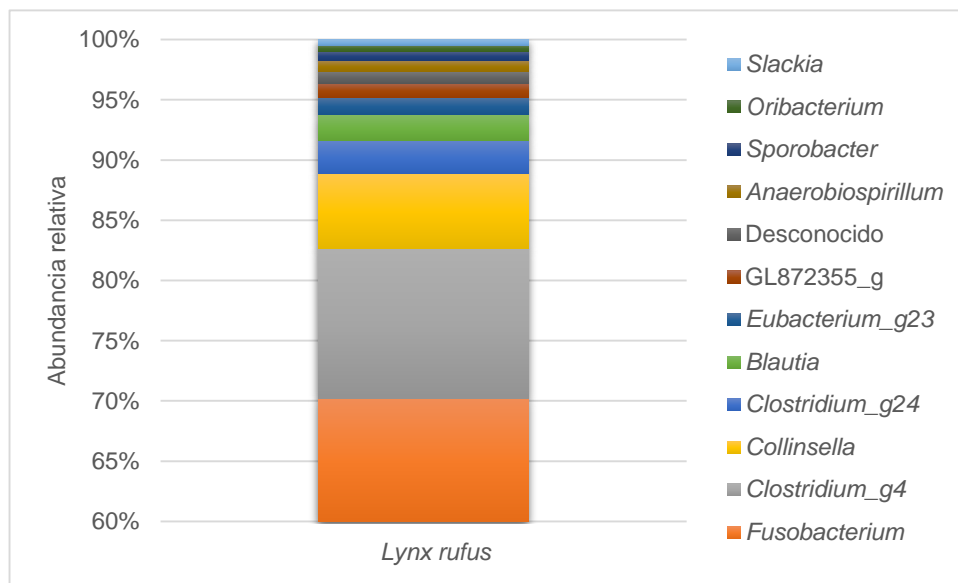


**Figura 23.** Abundancia relativa (%) de los principales órdenes de bacterias fecales de gato montés (*Lynx rufus*).





**Figura 24.** Abundancia relativa (%) de las principales familias de bacterias fecales de gato montés (*Lynx rufus*).



**Figura 25.** Abundancia relativa (%) de los principales géneros de bacterias fecales de gato montés (*Lynx rufus*).

Los resultados indican que dos géneros de bacterias son posibles organismos patógenos o zoonóticos en felinos (Cuadro 19).

**Cuadro 19.** Géneros bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en la muestra fecal de gato montés (*Lynx rufus*).

Género y especie	Gram	Potencial	Referencia
<i>Fusobacterium</i>	-	Patógena/zoonótico	Love <i>et al.</i> , 1980; Conrads <i>et al.</i> , 2004.
<i>Campylobacter</i>	-	Zoonótico	Acke, 2018

### 6.3 Caballo (*Equus caballus*)

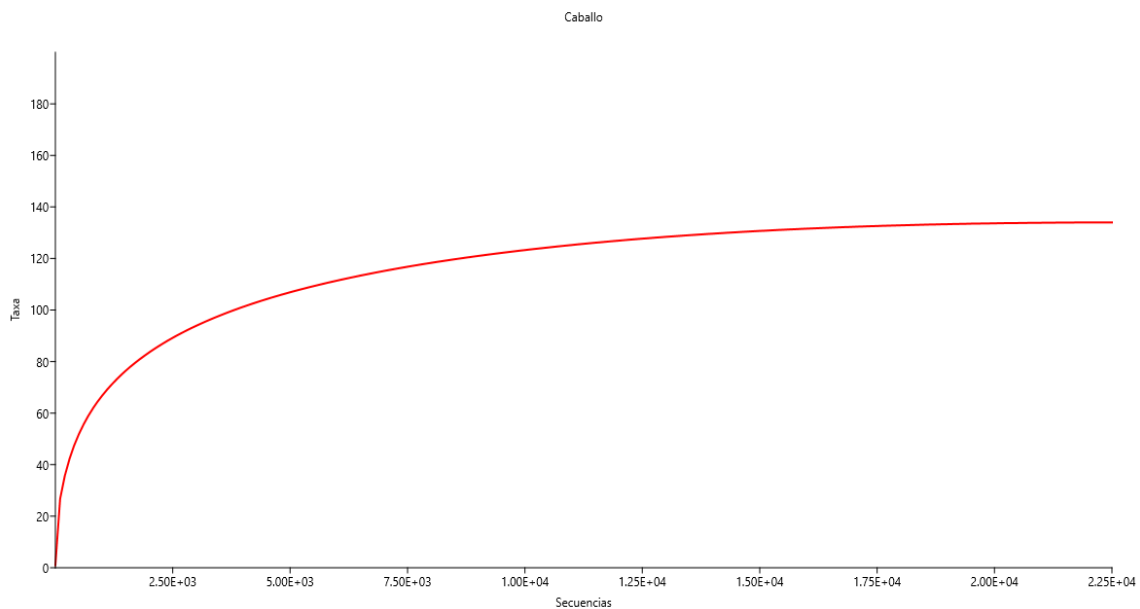
El número total de secuencias obtenidas para la muestra fecal de caballo bajo libre pastoreo antes del ensamblaje fue de 315,764, las secuencias ensambladas fueron 35,161 y desechadas 280,603; se eliminaron 2,678 quimeras, dejando 32,379 secuencias de calidad. Tras la asignación taxonómica, se obtuvieron 30,910 secuencias bacterianas, las cuales después de eliminar los singletons quedaron 22,619. Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que la curva alcanzó la asíntota aproximadamente a las 12,500 secuencias (Figura 26). El índice de diversidad de Shannon fue de 8.8 y de Simpson fue de 0.97.

Se registraron 10 phyla, de los cuales Proteobacteria (72.8%), Firmicutes (13.4%), Actinobacteria (12.5%), Tenericutes (0.56) y Verrucomicrobia (0.35%) fueron los más abundantes (Figura 27). Se determinaron 16 clases, entre las que Alphaproteobacteria (72.8%), Clostridia (13.4%), Actinobacteria\_c (12.3%), Mollicutes (0.55%) y Verrucomicrobiae (0.34%) mostraron los porcentajes más altos (Figura 28). Se obtuvieron 26 órdenes de los cuales Rhodobacterales fue el más abundante (29.5%), seguido por Caulobacterales (16.2%), Sphingomonadales (15.08%), Clostridiales (13.04%) y Rhizobiales (11.84%) (Figura 29).

De las 46 familias registradas predominaron Rhodobacteraceae (29.5%), Caulobacteraceae (16.2%), Sphingomonadaceae (15.06%), Christenellaceae (6.5%) y Rhizobiaceae (5.7%) (Figura 30). Se reportaron 134 géneros (Figura 31) donde los más abundantes fueron *Brevudimonas* (16.2%), género desconocido de

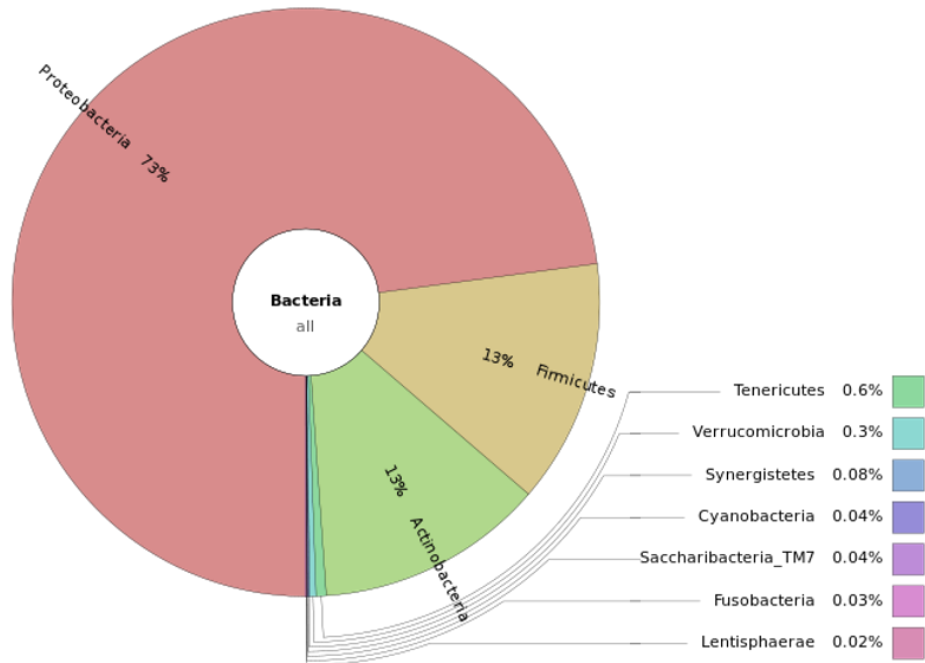
Rhodobacteraceae (13.1%), *Ketogulonicigenium* (10.6%), *Sphingomonas* (6.6%) y *Rhizobium* (5.7%).

A nivel género, el 60% de los OTUs logró clasificarse taxonómicamente, siendo *Brevundimonas* el más abundante (16.2%), el 30% fueron bacterias con clave de identificación y el 10% restante OTUs desconocidos. Se determinaron 136 especies, de las cuales el 97% no se conoce, 0.8% posee nomenclatura clave y 2.2% tiene nombre conocido (*Clavibacter michiganensis*, *Leifsonia xyli* y *Leucobacter chromiireducens*).

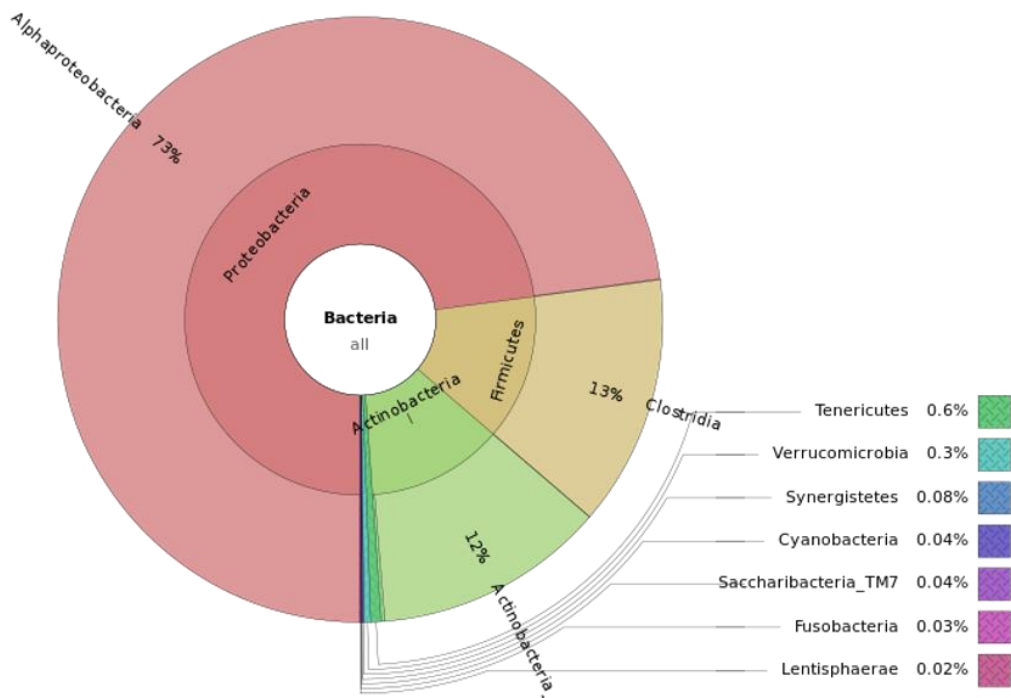


**Figura 26.** Número de secuencias por el número de OTUs para la muestra fecal de caballo (*Equus caballus*) sin rarificar.

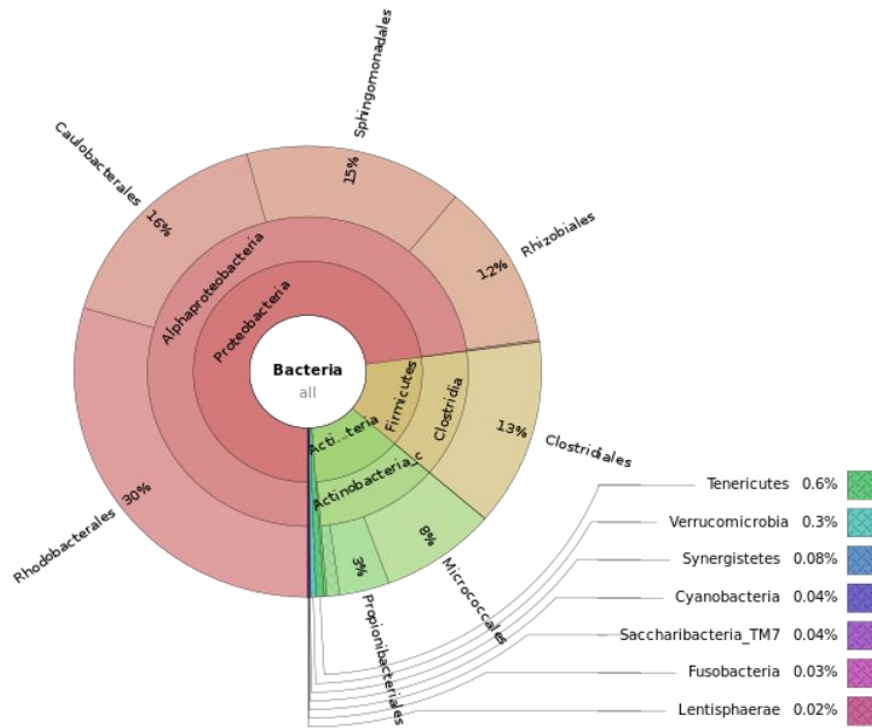
En este estudio se determinaron que 10 géneros de bacterias son posibles organismos patógenos o zoonóticos en caballo (Cuadro 20).



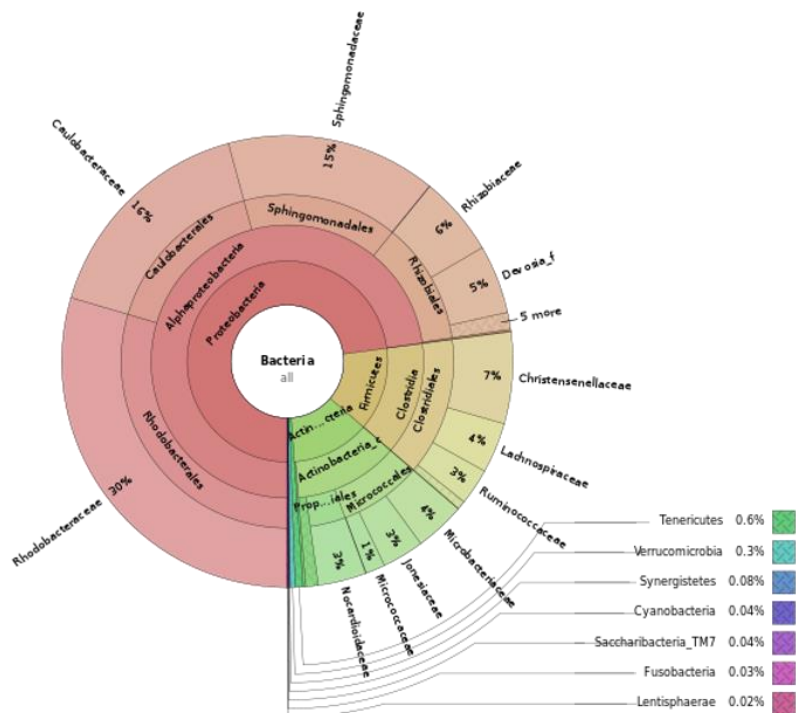
**Figura 27.** Abundancia relativa (%) de los principales phyla de bacterias fecales de caballo (*Equus caballus*).



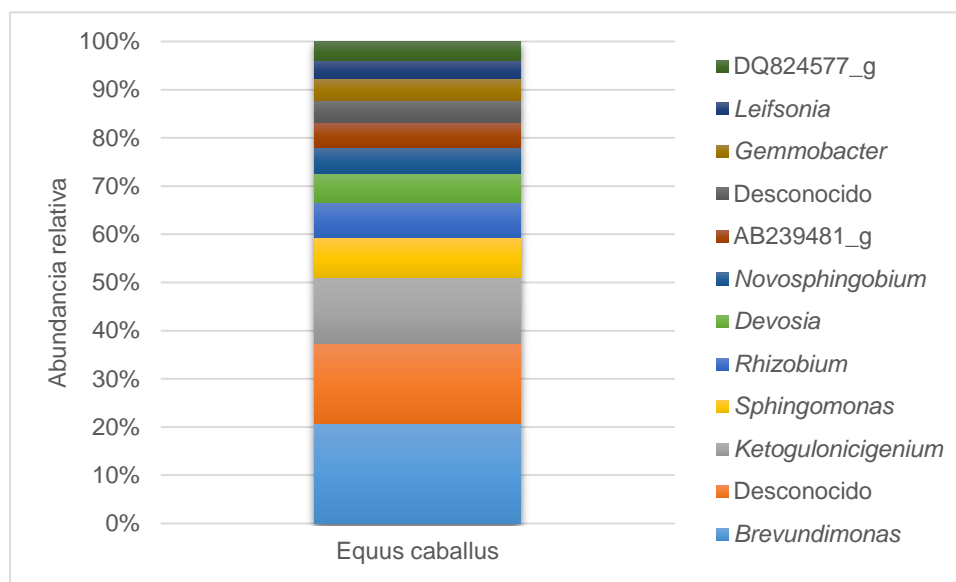
**Figura 28.** Abundancia relativa (%) de las principales clases de bacterias fecales de caballo (*Equus caballus*).



**Figura 29.** Abundancia relativa (%) de los principales ordenes de bacterias fecales de caballo (*Equus caballus*).



**Figura 30.** Abundancia relativa (%) de las principales familias de bacterias fecales de caballo (*Equus caballus*).



**Figura 31.** Abundancia relativa (%) de los principales géneros de bacterias fecales de caballo (*Equus caballus*).

**Cuadro 20.** Géneros bacterianos potencialmente patógenos registradas en la muestra fecal de Caballo (*Equus caballus*).

Género y especie	Gram	Potencial	Referencia
<i>Anaerobiospirillum</i>	-	Zoonótico	Pienaar <i>et al.</i> , 2003; Malnick. 2005
<i>Clostridium</i>	+	Patógeno	Diab <i>et al.</i> , 2013; Gohari <i>et al.</i> , 2014
<i>Dietzia</i>	+	zoonótico	Koerner <i>et al.</i> , 2009
<i>Fusobacterium</i>	-	Patógeno	Bailey y Love, 1991; Dorsch <i>et al.</i> , 2001
<i>Gordonia</i>	+	Zoonótico	Tsukamura, 1971; Arenskötter <i>et al.</i> , 2004
<i>Haematobacter</i>	-	Zoonótico	Helsel <i>et al.</i> , 2007
<i>Klebsiella</i>	-	Patógeno/Zoonótico	Podschun y Ullmann, 1998; Platt y Atherton, 1976; Estell <i>et al.</i> , 2016
<i>Nocardia</i>	+	Patógeno / Zoonótico	Brown-Elliott <i>et al.</i> , 2006; Condas <i>et al.</i> , 2015
<i>Peptoniphilus</i>	+	Zoonótico	Brown <i>et al.</i> , 2014
<i>Rhodococcus</i>	+	Patógeno	Camponovo y García, 2006

#### 6.4 Vaca (*Bos taurus*)

El número promedio de las secuencias obtenidas para las tres muestras fecales de vaca antes del ensamblaje fue de 283,759, la media de secuencias ensambladas fue de 155,915 y desechadas fue 127,843; en promedio se eliminaron 2,369 quimeras, dejando una media de secuencias de calidad de 153,032. Tras la asignación taxonómica, se obtuvo una media de secuencias bacterianas de 146,683, las cuales después de eliminar los singletons quedaron 109,482 (Cuadro 21). Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que todas las curvas alcanzaron la asíntota a partir de 45,000 secuencias; el proceso de rarefacción se realizó a 90,000 secuencias (Figura 32). Las medias de los índices de diversidad de Shannon y Simpson fueron 9.2 y 0.99 respectivamente (Cuadro 22).

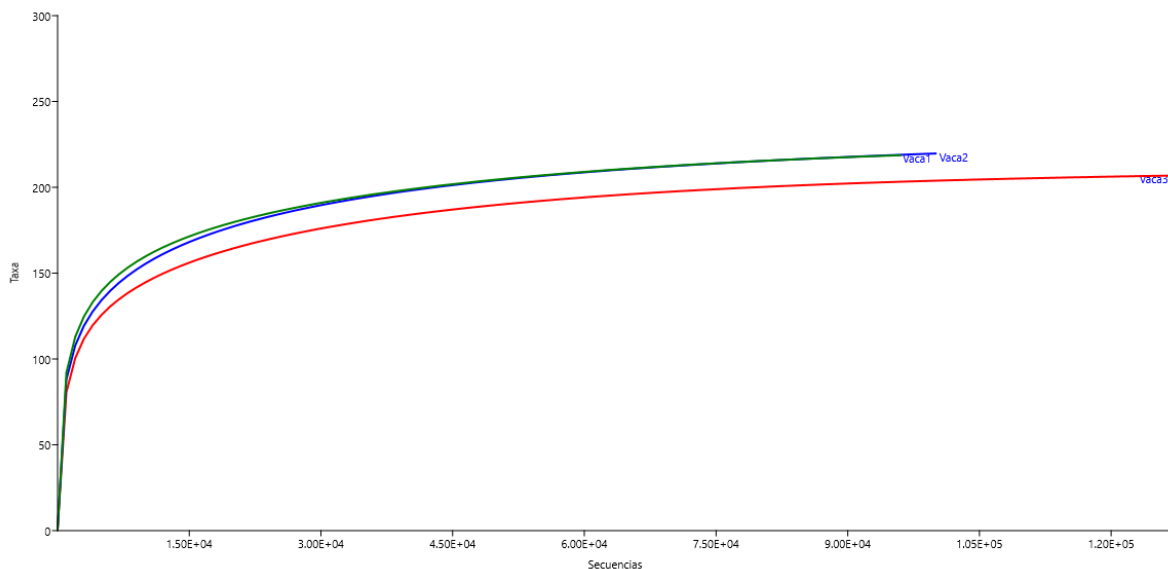
**Cuadro 21.** Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de vaca (*Bos taurus*).

Individuo	Totales	<sup>1</sup> Ens	<sup>2</sup> Des	<sup>3</sup> QE	<sup>4</sup> SC	<sup>5</sup> SB	<sup>6</sup> SBSS
1	322,428	138,862	183,566	2,160	136,254	130,967	97,845
2	223,470	145,379	78,091	2,157	142,729	136,010	101,718
3	305,380	183,506	121,874	2,791	180,113	173,074	128,883
Media	283 759	155 915	127 843	2 369	153 032	146 683	109 482

<sup>1</sup>Ensamblas, <sup>2</sup>Desechadas, <sup>3</sup>QE: quimeras eliminadas, <sup>4</sup>SC: secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, <sup>5</sup>SB: secuencias bacterianas después de la asignación taxonómica, <sup>6</sup>SBSS: secuencias bacterianas después de la eliminación de los singletons.

**Cuadro 22.** Índices de diversidad alfa para cada muestra de vaca (*Bos taurus*)

Muestra	Índice Shannon	Índice Simpson
1	9.3	0.99
2	9.4	0.99
3	8.9	0.98
Media	9.2	0.99



**Figura 32.** Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra de vaca (*Bos taurus*) sin rarificar.

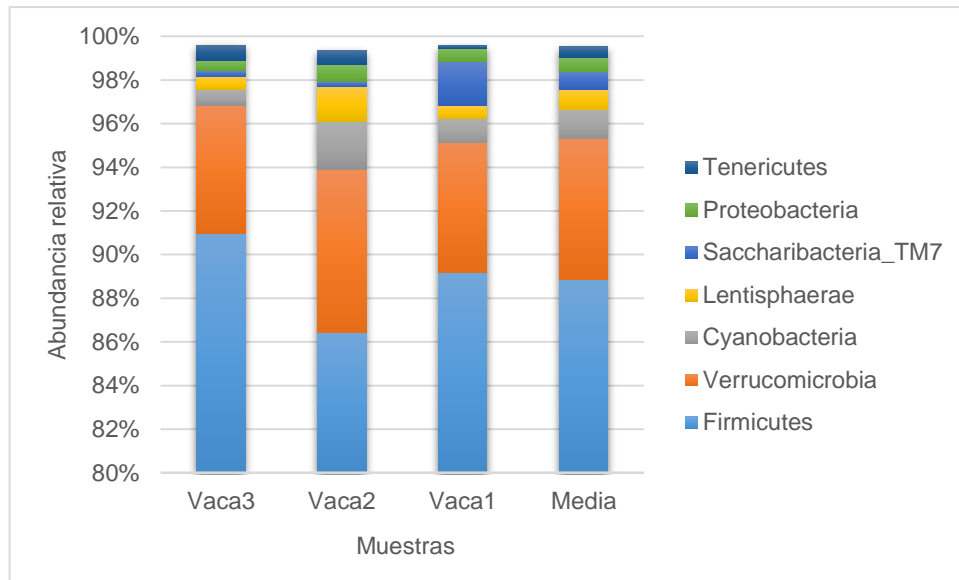
Se registraron 17 phyla, de los cuales Firmicutes ( $\bar{x}$ =88.5%), Verrucomirobia ( $\bar{x}$ =6.4%), Cyanobacteria ( $\bar{x}$ =1.3%), Lentisphaerae ( $\bar{x}$ =0.9%) y Saccharibacteria\_TM7 ( $\bar{x}$ =0.8%) fueron los más abundantes (Figura 33). Se determinaron 23 clases, entre las que Clostridia ( $\bar{x}$ =88.8%), Verrucomicrobiae ( $\bar{x}$ =6.4%), Vampirovibrio\_c ( $\bar{x}$ =1.3%), Lentisphaeria ( $\bar{x}$ =0.9%) y Saccharimonas\_c ( $\bar{x}$ =0.82%) mostraron los porcentajes más altos.

Se obtuvieron 32 órdenes de los cuales Clostridiales fue el más abundante ( $\bar{x}$ =88.8%), seguido por Verrucomicrobiales ( $\bar{x}$ =6.4%), FR888536\_os ( $\bar{x}$ =1.3%), Victivallales ( $\bar{x}$ =0.9%) y Saccharimonas\_o ( $\bar{x}$ =0.8%). De las 52 familias registradas predominaron Ruminococcaceae ( $\bar{x}$ =69%), Lachnospiraceae ( $\bar{x}$ =11%), Christensenellaceae ( $\bar{x}$ =7.2%), Akkermansiaceae ( $\bar{x}$ =6.4%) y FR888536\_f ( $\bar{x}$ =1.3%) (Figura 34).

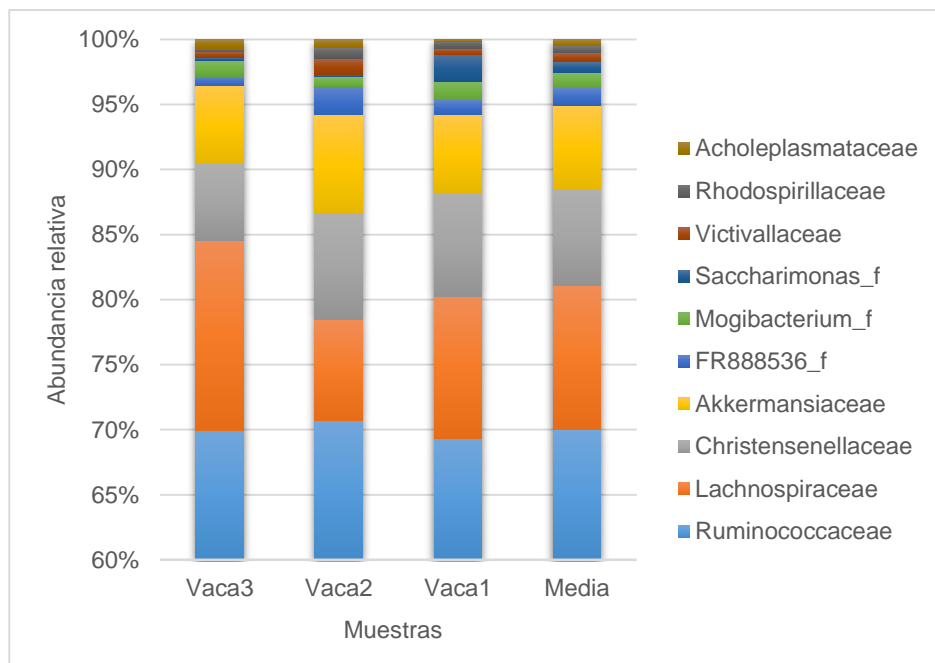
Se reportaron 258 géneros donde los más abundantes fueron *Sporobacter* ( $\bar{x}$ =21.6%), AB009176\_g ( $\bar{x}$ =20.1%), *Eubacterium\_g23* ( $\bar{x}$ =8.24%), HM630201\_g ( $\bar{x}$ =6.4%) y *Oscillibacter* ( $\bar{x}$ =2.4%). El mapa de calor de los géneros cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01% se muestran en la figura 35. Se contabilizaron 273 especies de las cuales el 88.6% no se conoce, el 10.6% posee



nomenclatura clave y solo el 0.8% tiene nombre conocido (*Clavibacter michiganensis* y *Campylobacter fetus*).



**Figura 33.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de vaca (*Bos taurus*).

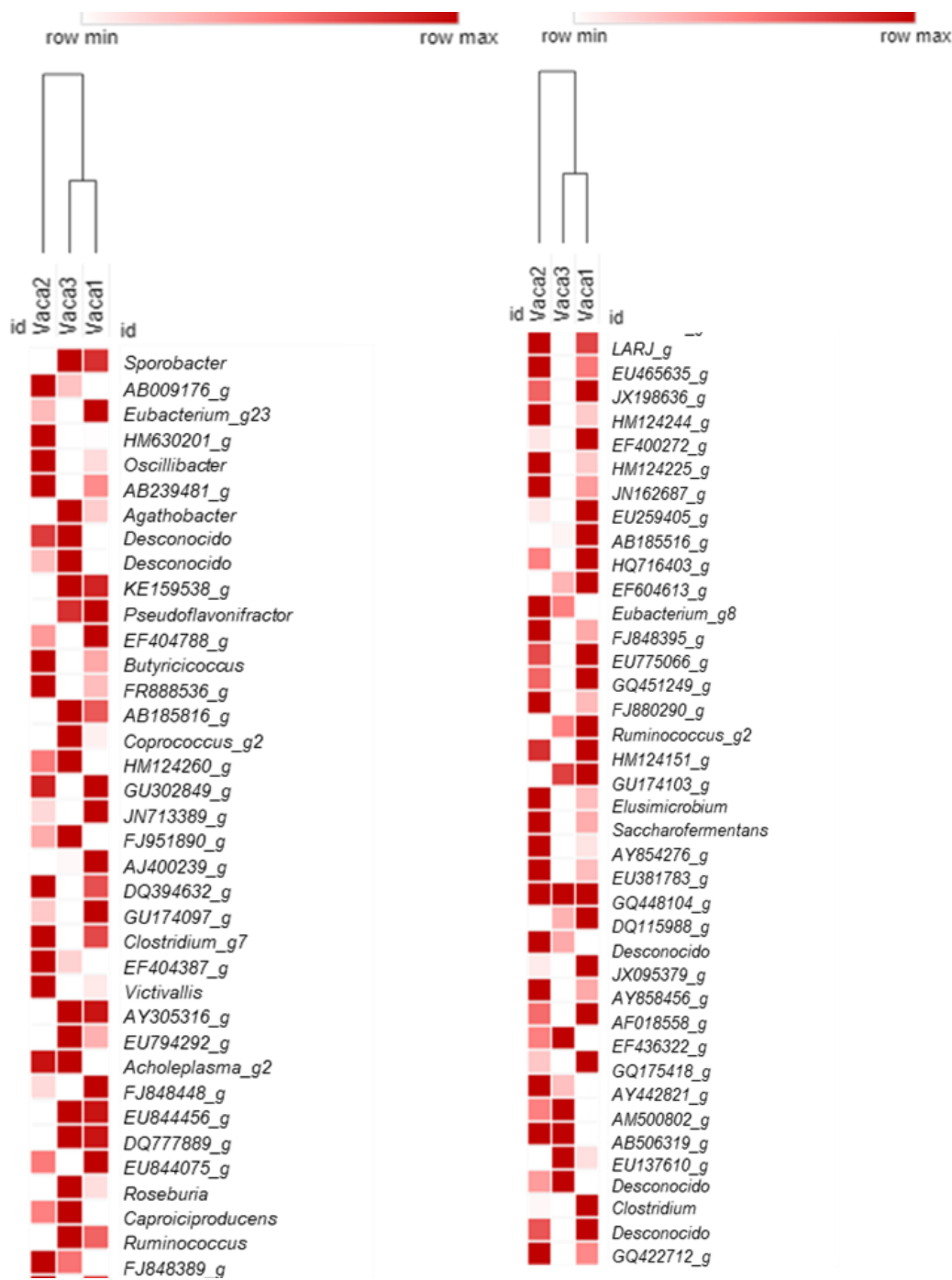


**Figura 34.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de vaca (*Bos taurus*).

Los géneros que se registraron como microbiota núcleo se muestran en la Cuadro 23. Con base en los resultados, se determinaron dos géneros de bacterias que, según la literatura disponible son organismos patógenos o zoonóticos en bovinos (Cuadro 24).

**Cuadro 23.** Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de vaca (*Bos taurus*).

Géneros			
AB009176_g	<i>Clostridium_g30</i>	EU844075_g	HM124260_g
AB185516_g	<i>Clostridium_g7</i>	EU844456_g	HM630201_g
AB192222_g	<i>Coprococcus_g1</i>	<i>Eubacterium_g21</i>	HQ716403_g
AB218327_g	<i>Coprococcus_g2</i>	<i>Eubacterium_g23</i>	JN162687_g
AB239481_g	DQ115988_g	<i>Eubacterium_g4</i>	JPZU_g
AB264065_g	DQ353924_g	<i>Eubacterium_g5</i>	JX096039_g
AB506319_g	DQ394632_g	<i>Eubacterium_g7</i>	JX198636_g
AB506348_g	DQ777889_g	<i>Eubacterium_g8</i>	KE159538_g
<i>Acholeplasma_g2</i>	DQ904798_g	<i>Faecalibacterium</i>	KE993550_g
<i>Actinobaculum</i>	EF400272_g	FJ848389_g	<i>Lachnospira</i>
AF018558_g	EF401862_g	FJ848395_g	LARJ_g
AF286038_g	EF404038_g	FJ848448_g	LLKB_g
<i>Agathobacter</i>	EF404387_g	FJ879347_g	<i>Mogibacterium</i>
AJ240981_g	EF404788_g	FJ880290_g	<i>Murimonas</i>
AJ400239_g	EF406589_g	FJ880395_g	<i>Olsenella</i>
AJ240981_g	EF436322_g	FJ951890_g	<i>Oribacterium</i>
AJ400239_g	EF436340_g	<i>Flexilinea</i>	<i>Oscillibacter</i>
AJ518873_g	EF602946_g	FR888536_g	<i>Pseudoflavonifractor</i>
AJ576336_g	EF604613_g	GL872355_g	<i>Romboutsia</i>
AJ576354_g	<i>Eisenbergiella</i>	GQ175418_g	<i>Roseburia</i>
AM277985_g	<i>Elusimicrobium</i>	GQ422712_g	HM124015_g
AM405620_g	EU137610_g	EU842424_g	HM124151_g
AM500802_g	EU259405_g	EU843993_g	HM124244_g
<i>Aminicella</i>	EU259443_g	EU844075_g	HM124260_g
<i>Anaerovorax</i>	EU381776_g	EU844456_g	<i>Ruminococcus</i>
AY305316_g	EU381783_g	GQ448104_g	<i>Ruminococcus_g2</i>
AY442821_g	EU381914_g	GQ451249_g	<i>Saccharofermentans</i>
AY854276_g	EU460979_g	GU174072_g	<i>Slackia</i>
BBZZ_g	EU465635_g	GU174097_g	<i>Sporobacter</i>
<i>Bifidobacterium</i>	EU465812_g	GU174103_g	<i>Subdoligranulum</i>
<i>Blautia</i>	EU504948_g	GU302849_g	<i>Succinivibrio</i>
<i>Butyricoccus</i>	EU775066_g	GU322899_g	<i>Syntrophococcus</i>
<i>Butyrivibrio_g1</i>	EU791177_g	GU324367_g	<i>Victivallis</i>
<i>Caproiciproducens</i>	EU794292_g	HM124015_g	
<i>Christensenella</i>	EU842424_g	HM124151_g	
<i>Clostridium_g24</i>	EU843993_g	HM124244_g	



**Figura 35.** Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de vaca (*Bos taurus*), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.

**Cuadro 24.** Prevalencia (%) de géneros bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en muestras fecales de vaca (*Bos taurus*).

Género y especie	Gram	Potencial	(%)	Referencias
<i>Campylobacter fetus</i>	-	Patógena	33.3	Hoffer, 1981; Julie-Gard,2016
<i>Corynebacterium</i>	+	Patógena	33.3	Yeruham, 1996; Díaz. 2013

## 6.5 Venado bura (*Odocoileus hemionus*)

La media del número total de secuencias obtenidas para dos muestras fecales de individuos adultos de venado bura antes del ensamblaje fue de 158,968, ensambladas fue de 143,683 y las desechadas 15,285; en promedio se eliminaron 19,752 quimeras, dejando una media de secuencias de calidad de 123,344. Tras la asignación taxonómica, se obtuvo una media de secuencias bacterianas de 117,582 las cuales después de eliminar los singletons fue de 98,892 (Cuadro 25). Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que todas las curvas alcanzaron la asíntota a partir de 50,000 secuencias; el proceso de rarefacción se realizó a 85,000 secuencias (Figura 36). La media de los índices de diversidad de Shannon y Simpson fueron 8.12 y 0.98 respectivamente (Cuadro 26).

**Cuadro 25.** Número de secuencias fecales obtenidas para cada individuo de venado bura (*Odocoileus hemionus*).

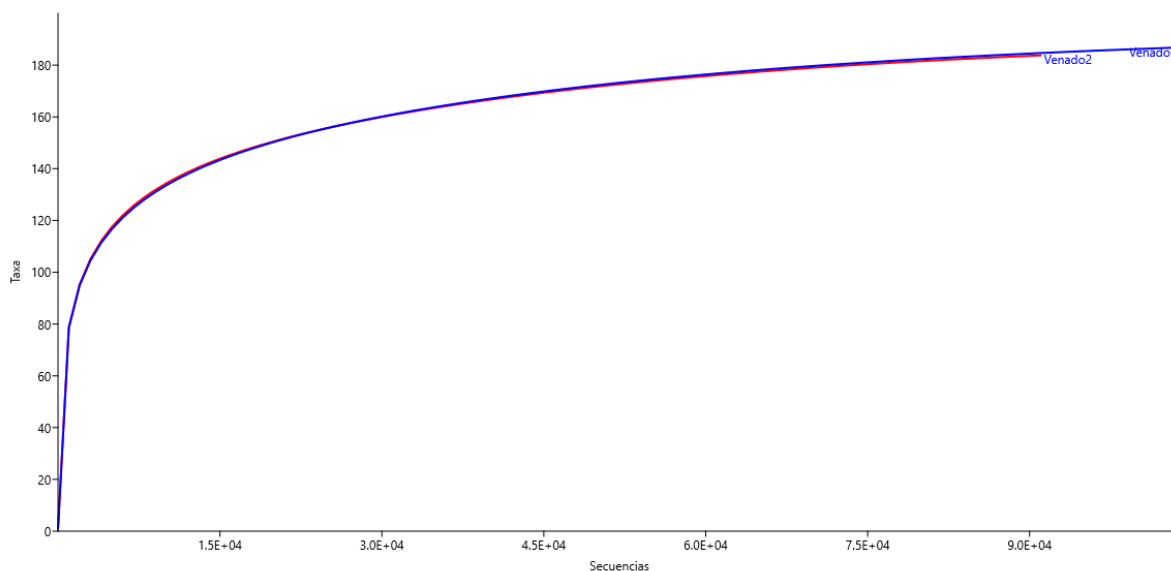
Individuo	Totales	<sup>1</sup> Ens	<sup>2</sup> Des	<sup>3</sup> QE	<sup>4</sup> SC	<sup>5</sup> SB	<sup>6</sup> SBSS
1	163,533	148,476	15,057	16,355	131,527	126,361	105,219
2	154,404	138,891	15,513	23,150	115,162	108,803	92,565
Media	158 968	143 683	15 285	19 752	123 344	117 582	98 892

<sup>1</sup>Ensamblas, <sup>2</sup>Desechadas, <sup>3</sup>QE: quimeras eliminadas, <sup>4</sup>SC: secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, <sup>5</sup>SB: secuencias bacterianas después de la asignación taxonómica, <sup>6</sup>SBSS: secuencias bacterianas después de la eliminación de los singletons.

Se registraron 10 phyla, de los cuales Firmicutes ( $\bar{x}$ =97.7%), Verrucomirobia ( $\bar{x}$ =1.05%), Actinobacteria ( $\bar{x}$ =0.64%), Cyanobacteria ( $\bar{x}$ =0.26%) y Saccharibacteria\_TM7 ( $\bar{x}$ =0.13%) fueron los más abundantes (Figura 37).

**Cuadro 26.** Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de venado bura (*Odocoileus hemionus*).

Muestra	Índice Shannon	Índice Simpson
1	8.1	0.98
2	8.1	0.98
Media	8.1	0.98

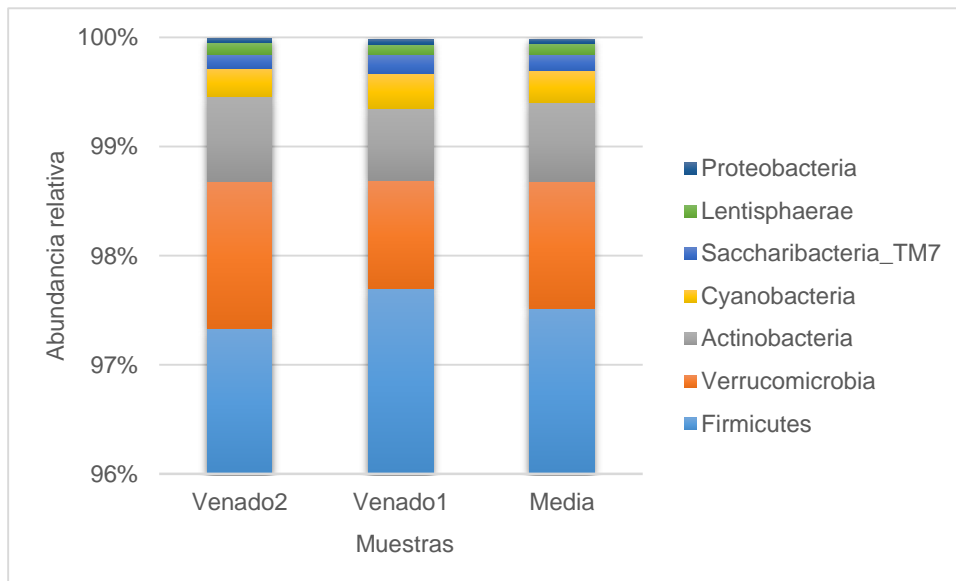


**Figura 36.** Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra fecal de venado bura (*Odocoileus hemionus*) sin rarificar.

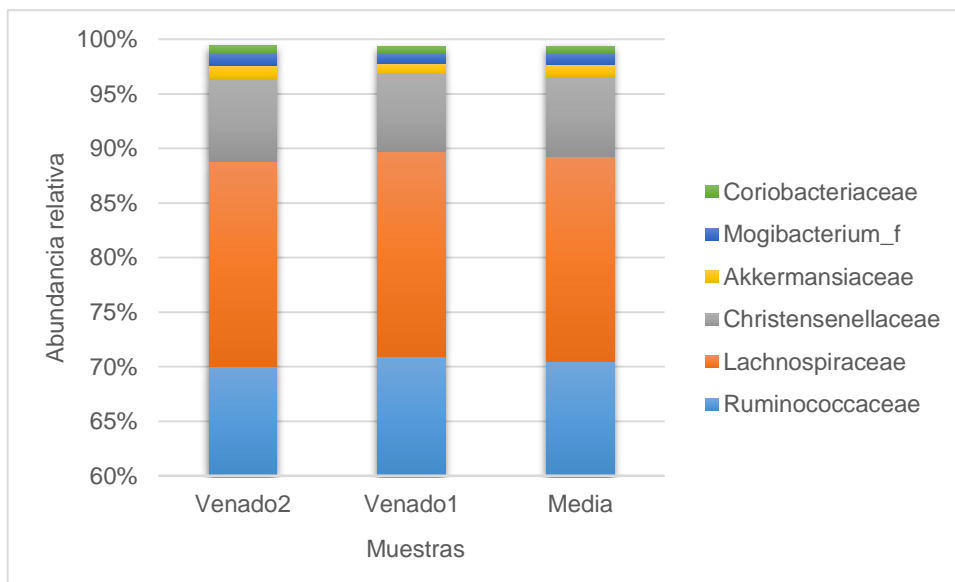
Se determinaron 14 clases, entre las que Clostridia ( $\bar{x}=97.7\%$ ), Verrucomicrobiae ( $\bar{x}=1.0\%$ ), Coriobacteriia ( $\bar{x}=0.64\%$ ), Vampirovibrio\_c ( $\bar{x}=0.25\%$ ) y Saccharimonas\_c ( $\bar{x}=0.13\%$ ) mostraron los porcentajes más altos. Se obtuvieron 20 órdenes de los cuales Clostridiales fue el más abundante ( $\bar{x}=97.7\%$ ), seguido por Verrucomicrobiales ( $\bar{x}=1.0\%$ ), Coriobacteriales ( $\bar{x}=0.64\%$ ), FR888536\_o ( $\bar{x}=0.25\%$ ) y Saccharimonas\_o ( $\bar{x}=0.13\%$ ). De las 28 familias registradas predominaron Ruminococcaceae ( $\bar{x}=70.4\%$ ), Lachnospiraceae ( $\bar{x}=18.7$ ), Christensenellaceae ( $\bar{x}=7.4\%$ ), Akkermansiaceae ( $\bar{x}=1.0\%$ ) y Mogibacterium\_f ( $\bar{x}=1.0\%$ ) (Figura 38).

Se reportaron 202 géneros donde los más abundantes fueron *Sporobacter* ( $\bar{x}=34.15\%$ ), AB009176\_g ( $\bar{x}=8.8\%$ ), AB239481\_g ( $\bar{x}=4.0\%$ ), *Pseudoflavonifactor* ( $\bar{x}=3.8\%$ ) y *Eubacterium\_g23* ( $\bar{x}=3.2\%$ ), (Figura 39). Se contabilizaron 202 especies

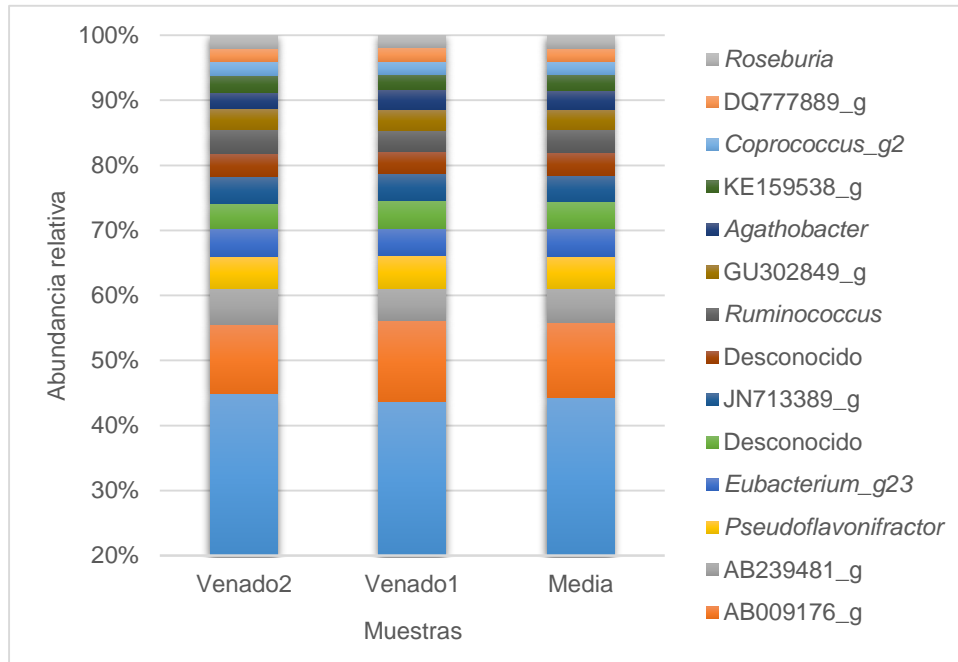
de las cuales el 93.6% no se conoce y el 6.4% posee nomenclatura clave. Los géneros que se registraron como microbiota núcleo se muestran en la Cuadro 27.



**Figura 37.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de venado bura (*Odocoileus hemionus*).



**Figura 38.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de venado bura (*Odocoileus hemionus*).



**Figura 39.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales géneros de bacterias fecales de venado bura (*Odocoileus hemionus*).

**Cuadro 27.** Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de venado bura (*Odocoileus hemionus*).

		Géneros		
AB009176_g	<i>Butyricicoccus</i>	EU137610_g	FJ848389_g	JX096039_g
AB185516_g	<i>Caproiciproducens</i>	EU259405_g	FJ848395_g	JX198636_g
AB218327_g	<i>Catonella</i>	EU266777_g	FJ848448_g	JX457216_g
AB234470_g	<i>Christensenella</i>	EU358717_g	FJ879347_g	KE159538_g
AB239481_g	<i>Clostridium_g12</i>	EU381487_g	FJ880290_g	KE993550_g
AB264083_g	<i>Clostridium_g21</i>	EU381776_g	FJ880395_g	<i>Lachnospira</i>
AB506217_g	<i>Clostridium_g22</i>	EU381783_g	FJ951890_g	LARJ_g
AB506319_g	<i>Clostridium_g24</i>	EU460979_g	<i>Flexilinea</i>	LLKB_g
AB506348_g	<i>Clostridium_g30</i>	EU465635_g	FR888536_g	<i>Marvinbryantia</i>
<i>Acetanaerobacterium</i>	<i>Clostridium_g7</i>	EU775066_g	GL872355_g	<i>Microvirga</i>
<i>Adlercreutzia</i>	<i>Clostridium_g8</i>	EU791177_g	<i>Gordonibacter</i>	<i>Mobilitalea</i>
AF018558_g	<i>Collinsella</i>	EU794292_g	GQ175418_g	<i>Modestobacter</i>
<i>Agathobacter</i>	<i>Coprococcus_g1</i>	EU842423_g	GU174097_g	<i>Mogibacterium</i>
AJ240981_g	<i>Coprococcus_g2</i>	EU842424_g	GU174103_g	<i>Murimonas</i>
AJ400239_g	DQ115988_g	EU843993_g	GU302849_g	<i>Olsenella</i>
AJ518873_g	DQ353924_g	EU844075_g	GU303005_g	<i>Oscillibacter</i>
AJ576336_g	DQ394629_g	EU844100_g	GU324367_g	<i>Phascolarctobacterium</i>
AM277063_g	DQ394632_g	EU844456_g	GU324393_g	<i>Pseudoflavonifractor</i>
AM277985_g	DQ777889_g	EU844681_g	<i>Herbinix</i>	<i>Romboutsia</i>
AM500802_g	DQ815350_g	EU844817_g	HM123979_g	<i>Roseburia</i>
<i>Aminicella</i>	DQ904798_g	EU845632_g	HM124015_g	<i>Ruminococcus</i>
<i>Anaerofustis</i>	DQ905290_g	EU861840_g	HM124225_g	<i>Ruminococcus_g2</i>
<i>Anaerostipes</i>	EF400272_g	<i>Eubacterium_g17</i>	HM124244_g	<i>Ruminococcus_g4</i>
<i>Anaerovorax</i>	EF404038_g	<i>Eubacterium_g20</i>	HM124260_g	<i>Slackia</i>
<i>Atopobium</i>	EF404788_g	<i>Eubacterium_g21</i>	HM630201_g	<i>Sphingomonas</i>
AY305316_g	EF406589_g	<i>Eubacterium_g23</i>	HQ697740_g	<i>Sporobacter</i>
AY442821_g	EF436322_g	<i>Eubacterium_g4</i>	HQ716403_g	<i>Subdoligranulum</i>
AY571491_g	EF436340_g	<i>Eubacterium_g5</i>	<i>Hungatella</i>	<i>Syntrophococcus</i>
AY854276_g	EF602946_g	<i>Eubacterium_g7</i>	JN162687_g	<i>Victivallis</i>
AY858456_g	EF604613_g	<i>Eubacterium_g8</i>	JN162689_g	
BBZZ_g	<i>Eisenbergiella</i>	<i>Faecalibacterium</i>	JPZU_g	
<i>Blautia</i>	<i>Ercella</i>	FJ478799_g	JX095379_g	



## 6.6 Liebre cola negra (*Lepus californicus*)

Se analizaron dos muestras fecales de dos individuos adultos de liebre cola negra. La media del número total de secuencias obtenidas para las dos muestras antes del ensamblaje fue de 266,060, la media de secuencias ensambladas fue de 114,429 y la media de secuencias desechadas fue 151,631; en promedio se eliminaron 2,529 quimeras, dejando una media de secuencias de calidad de 111,522. Tras la asignación taxonómica, se obtuvo una media de secuencias bacterianas de 100,877 que después de eliminar los singletons fue de 81,206 (Cuadro 28).

Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que todas las curvas alcanzaron la asíntota a partir de 45,000 secuencias; el proceso de rarefacción se realizó a 50,000 secuencias (Figura 40). La media de los índices de diversidad de Shannon y Simpson fue de 6.9 y 0.96 respectivamente (Cuadro 29).

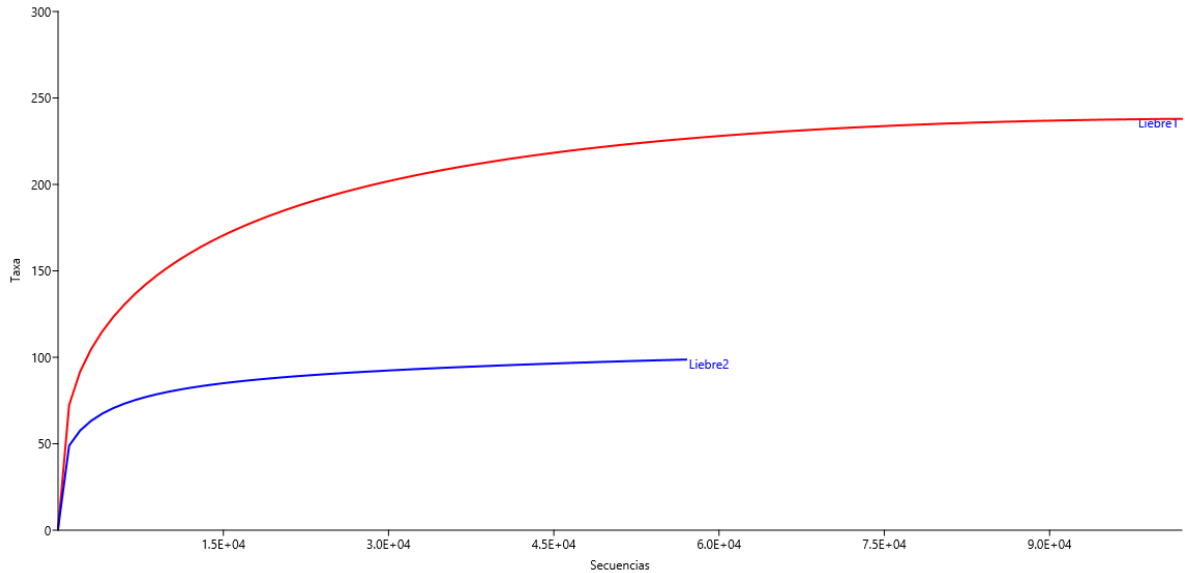
**Cuadro 28.** Número de secuencias fecales obtenidas para cada individuo de liebre cola negra (*Lepus californicus*).

Individuo	Totales	<sup>1</sup> Ens	<sup>2</sup> Des	<sup>3</sup> QE	<sup>4</sup> SC	<sup>5</sup> SB	<sup>6</sup> SBSS
1	318,822	143,441	175,381	3,670	139,279	127,711	103,566
2	213,299	85,418	127,881	1,389	83,765	74,043	58,846
Media	266 060	114 429	151 631	2 529	111 522	100 877	81 206

<sup>1</sup>Ensamblas, <sup>2</sup>Desechadas, <sup>3</sup>QE: quimeras eliminadas, <sup>4</sup>SC: secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, <sup>5</sup>SB: secuencias bacterianas después de la asignación taxonómica, <sup>6</sup>SBSS: secuencias bacterianas después de la eliminación de los singletons.

**Cuadro 29.** Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de liebre cola negra (*Lepus californicus*).

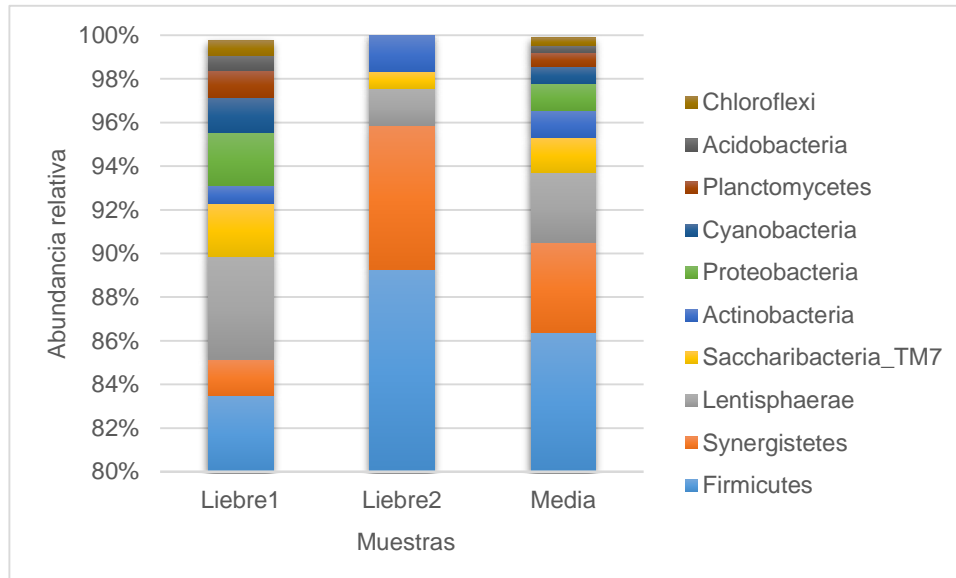
Muestra	Índice Shannon	Índice Simpson
1	6.8	0.95
2	6.9	0.97
Media	6.9	0.96



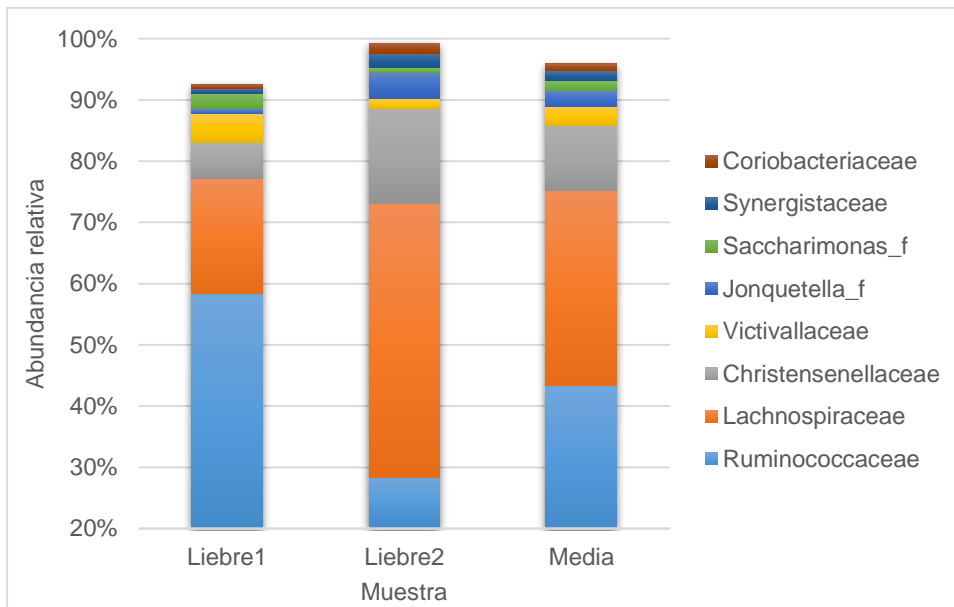
**Figura 40.** Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra de liebre cola negra (*Lepus californicus*) sin rarificar.

Se registraron 16 phyla, de los cuales Firmicutes ( $\bar{x}$ =86.3%), Synergistetes ( $\bar{x}$ =4.1%), Lentisphaerae ( $\bar{x}$ =3.2%), Saccharibacteria\_TM7 ( $\bar{x}$ =1.6%) y Actinobacteria ( $\bar{x}$ =1.2%) fueron los más abundantes (Figura 41). Se determinaron 33 clases, entre las que Clostridia ( $\bar{x}$ =86.3%), Synergistia ( $\bar{x}$ =4.1%), Lentisphaeria ( $\bar{x}$ =3.1%), Saccharimonas\_c ( $\bar{x}$ =1.6%) y Alphaproteobacteria ( $\bar{x}$ =1.3%) mostraron los porcentajes más altos. Se obtuvieron 49 órdenes de los cuales Clostridiales fue el más abundante ( $\bar{x}$ = 86.3%), seguido por Synergistales ( $\bar{x}$ =4.1%), Victivallales ( $\bar{x}$ =3.2%), Saccharimonas\_o ( $\bar{x}$ =1.6%) y Coriobacteriales ( $\bar{x}$ =1.1%). De las 83 familias registradas predominaron Ruminococcaceae ( $\bar{x}$ = 43.4%), Lachnospiraceae ( $\bar{x}$ =31.7), Christensenellaceae ( $\bar{x}$ =10.7%), Victivallaceae ( $\bar{x}$ =3.2%) y Jonquetella\_f ( $\bar{x}$ =2.5%) (Figura 42).

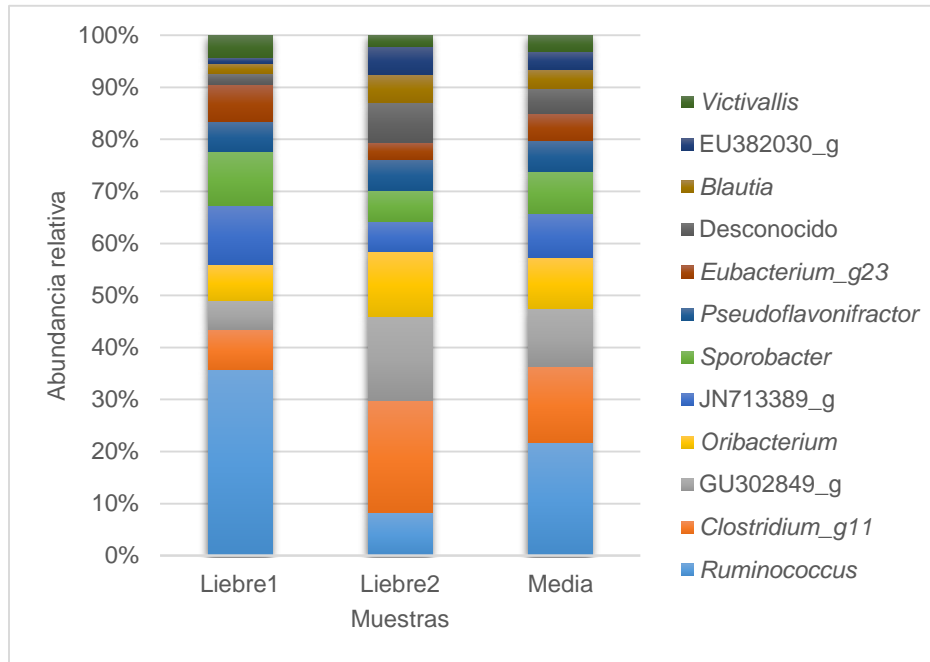
Se reportaron 236 géneros donde los más abundantes fueron *Ruminococcus* ( $\bar{x}$ =16.2%), *Clostridium\_g11* ( $\bar{x}$ =11%), GU302849\_g ( $\bar{x}$ =8.2%), *Oribacterium* ( $\bar{x}$ =7.3%) y JN713389\_g ( $\bar{x}$ =6.3%) (Figura 43). Se contabilizaron 262 especies de las cuales el 84.7% no se conoce, el 14.9% posee nomenclatura clave y solo el 0.4% tiene nombre conocido (*Cloacibacillus porcorum*). Los géneros que se registraron como microbiota núcleo se muestran en la Cuadro 30.



**Figura 41.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de liebre cola negra (*Lepus californicus*).



**Figura 42.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de liebre cola negra (*Lepus californicus*).



**Figura 43.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales géneros de bacterias fecales de liebre cola negra (*Lepus californicus*).

**Cuadro 30.** Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de liebre cola negra (*Lepus californicus*).

Género				
AB009176_g	<i>Blautia</i>	<i>Eggerthella</i>	<i>FJ951890_g</i>	<i>Mogibacterium</i>
AB239481_g	<i>Butyricicoccus</i>	<i>Eisenbergiella</i>	<i>FR888536_g</i>	<i>Murimonas</i>
AB264073_g	<i>Butyrivibrio</i>	<i>Enterorhabdus</i>	<i>Geodermatophilus</i>	<i>Olsenella</i>
Acetatifactor	<i>Caproiciproducens</i>	<i>EU382030_g</i>	<i>GQ175418_g</i>	<i>Oribacterium</i>
AF280863_g	<i>Cellulomonas</i>	<i>EU504948_g</i>	<i>GU174072_g</i>	<i>Pseudoflavonifractor</i>
AF371685_g	<i>Christensenella</i>	<i>EU510312_g</i>	<i>GU174103_g</i>	<i>Roseburia</i>
AJ400239_g	<i>Cloacibacillus</i>	<i>EU791177_g</i>	<i>GU302849_g</i>	<i>Ruminococcus</i>
AJ576336_g	<i>Clostridium_g11</i>	<i>EU842486_g</i>	<i>GU324393_g</i>	<i>Sphingomonas</i>
AM277063_g	<i>Clostridium_g7</i>	<i>EU842499_g</i>	<i>GU324393_g</i>	<i>Sporobacter</i>
AM405748_g	<i>Clostridium_g8</i>	<i>EU843993_g</i>	<i>HQ792120_g</i>	<i>Subdoligranulum</i>
AM500802_g	<i>Coprococcus_g1</i>	<i>EU844456_g</i>	<i>JN162689_g</i>	<i>Syntrophococcus</i>
Aminicella	<i>Coprococcus_g2</i>	<i>Eubacterium_g21</i>	<i>JPZU_g</i>	<i>Victivallis</i>
Anaerofilum	<i>DQ777889_g</i>	<i>Eubacterium_g23</i>	<i>JX096039_g</i>	
Atopobium	<i>EF404788_g</i>	<i>Eubacterium_g4</i>	<i>KE159538_g</i>	
AY854276_g	<i>EF406589_g</i>	<i>Eubacterium_g5</i>	<i>KE159571_g</i>	
BBZZ_g	<i>EF436322_g</i>	<i>FJ880395_g</i>	<i>KE159600_g</i>	

## 6.7 Tortuga del Bolsón (*Gopherus flavomarginatus*)

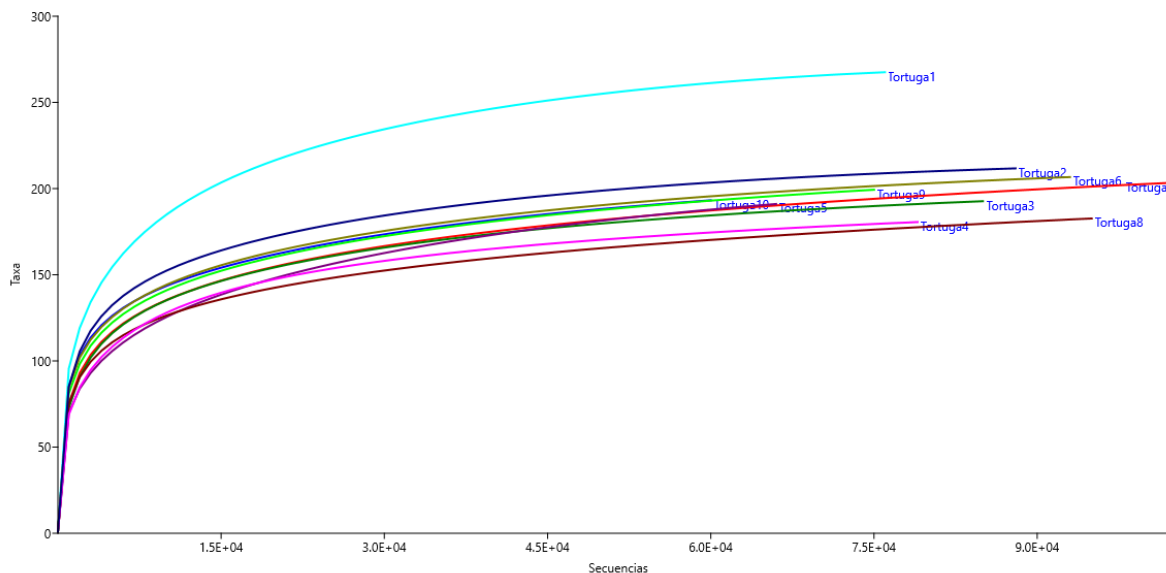
Se analizaron muestras fecales de 10 individuos diferentes de tortuga del Bolsón adultos. La media del número total de secuencias obtenidas para las muestras antes del ensamblaje fue de 250,837, la media de secuencias ensambladas fue de 118,002 y la media de secuencias desechadas fue 132,835; en promedio se eliminaron 1,660 quimeras, dejando una media de secuencias de calidad de 115,964. Tras la asignación taxonómica, se obtuvo una media de secuencias bacterianas de 106,311 que después de eliminar los singletons fue de 83,551 (Cuadro 31).

Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que todas las curvas alcanzaron la asíntota a partir de 60,000 secuencias; el proceso de rarefacción se realizó a 55,000 secuencias (Figura 44). La media de los índices de diversidad de Shannon y Simpson fueron 8.0 y 0.96 respectivamente (Cuadro 32).

**Cuadro 31.** Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de tortuga del Bolsón (*Gopherus flavomarginatus*).

Individuo	Totales	<sup>1</sup> Ens	<sup>2</sup> Des	<sup>3</sup> QE	<sup>4</sup> SC	<sup>5</sup> SB	<sup>6</sup> SBSS
1	249,434	113,497	135,937	2,071	111,074	101,145	77,878
2	230,612	127,352	103,260	3,103	123,851	116,352	89,403
3	218,503	127,935	90,568	1,205	126,384	116,379	86,177
4	259,329	112,107	147,222	2,249	109,483	102,609	80,587
5	273,855	95,763	178,092	1,740	93,701	82,264	67,894
6	266,287	132,391	133,896	1,583	130,383	118,791	94,243
7	277,616	143,212	134,404	1,624	141,131	131,113	104,600
8	256,784	132,718	124,066	1,111	131,177	120,792	96,135
9	271,927	105,796	166,131	959	104,498	95,584	76,810
10	204,021	89,246	114,775	956	87,960	78,081	61,779
Media	250 837	118 002	132 835	1 660	115 964	106 311	83 551

<sup>1</sup>Ensamblas, <sup>2</sup>Desechadas, <sup>3</sup>QE: quimeras eliminadas, <sup>4</sup>SC: secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, <sup>5</sup>SB: secuencias bacterianas después de la asignación taxonómica, <sup>6</sup>SBSS: secuencias bacterianas después de la eliminación de los singletons.



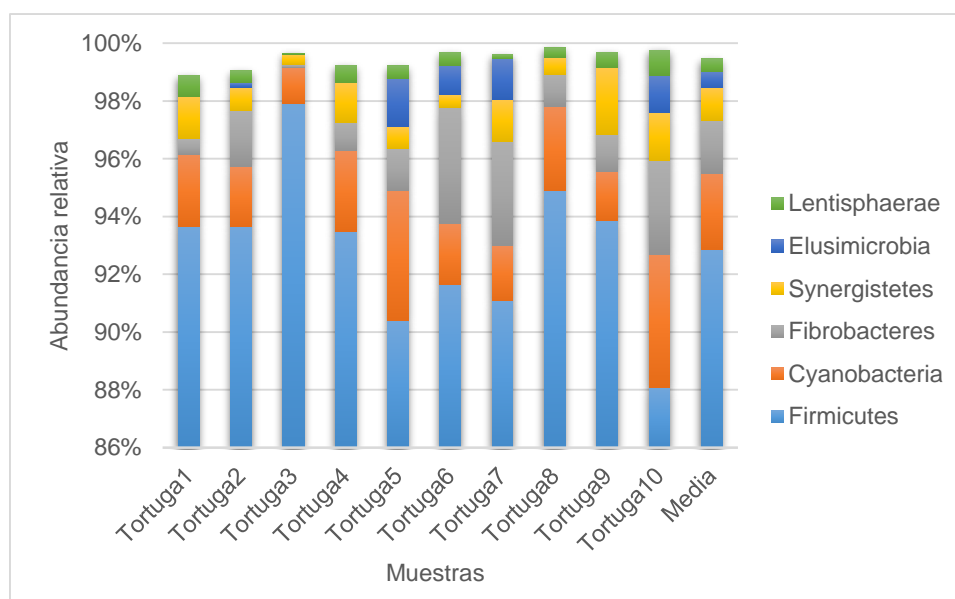
**Figura 44.** Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra de tortuga del Bolsón (*Gopherus flavomarginatus*) sin rarificar.

**Cuadro 32.** Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de tortuga del Bolsón (*Gopherus flavomarginatus*).

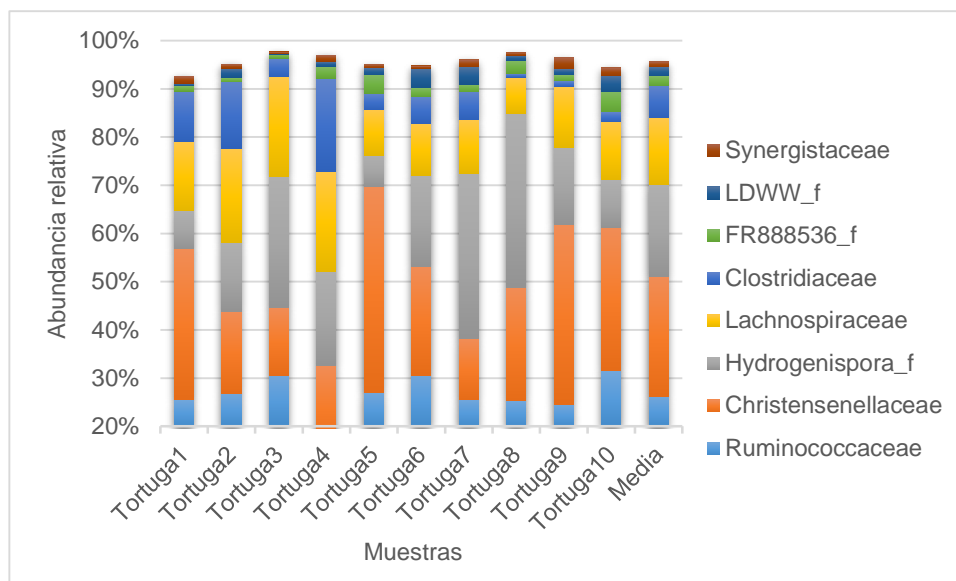
Muestra	Índice Shannon	Índice Simpson
1	9.1	0.99
2	8.5	0.98
3	7.8	0.95
4	7.6	0.96
5	8.1	0.98
6	8.2	0.97
7	7.2	0.94
8	7.3	0.91
9	8.0	0.98
10	8.7	0.98
Media	8.0	0.96

Se registraron 18 phyla, de los cuales, Firmicutes ( $\bar{x}$ =92.9%), Cyanobacteria ( $\bar{x}$ =2.6%), Fibrobacteres ( $\bar{x}$ =1.8), Synergistetes ( $\bar{x}$ =1.1%) y Elusimicrobia ( $\bar{x}$ =0.5%) fueron los más abundantes (Figura 45). Se determinaron 30 clases, entre las que Clostridia ( $\bar{x}$ =73.6%), Negativicutes ( $\bar{x}$ =19.1%), Vampirovibrio\_c ( $\bar{x}$ =2.4%), Chitinivibronia ( $\bar{x}$ =1.8%) y Synergistia ( $\bar{x}$ =1.1%) mostraron los porcentajes más

altos. Se obtuvieron 49 órdenes de los cuales Clostridiales fue el más abundante ( $\bar{x}= 73.1\%$ ), luego Hydrogenispora\_o ( $\bar{x}=19.1\%$ ), FR888536\_o ( $\bar{x}=2.4\%$ ), Chitinivibrionales ( $\bar{x}=1.8\%$ ) y Synergistales ( $\bar{x}=1.1\%$ ). De las 87 familias registradas predominaron Ruminococcaceae ( $\bar{x}= 26.2\%$ ), Christensenellaceae ( $\bar{x}=25\%$ ), Hydrogenispora\_f ( $\bar{x}=19.1\%$ ), Lachnospiraceae ( $\bar{x}=14\%$ ) y Clostridiaceae ( $\bar{x}=6.6\%$ ) (Figura 46). Se reportaron 338 géneros donde los más abundantes fueron *Hydrogenispora* ( $\bar{x}=19\%$ ), Género desconocido de Lachnospiraceae ( $\bar{x}=7.9\%$ ), GQ422712\_g ( $\bar{x}=6.8\%$ ), *Clostridium* ( $\bar{x}=6.6\%$ ) y AB009176\_g ( $\bar{x}=6.0\%$ ). El mapa de calor de los géneros cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01% se muestran en la figura 47. Se contabilizaron 397 especies de las cuales el 76.3% no se conoce, el 23.4% posee nomenclatura clave y solo el 0.3% tiene nombre conocido (*Campylobacter fetus*). Los géneros que se registraron como microbiota núcleo se muestran en la Cuadro 33. Con base en los resultados, se determinaron cuatro géneros y especies de bacterias que, según la literatura disponible, son organismos patógenos o zoonóticos en tortugas (Cuadro 34).



**Figura 45.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de tortuga del Bolsón (*Gopherus flavomarginatus*).

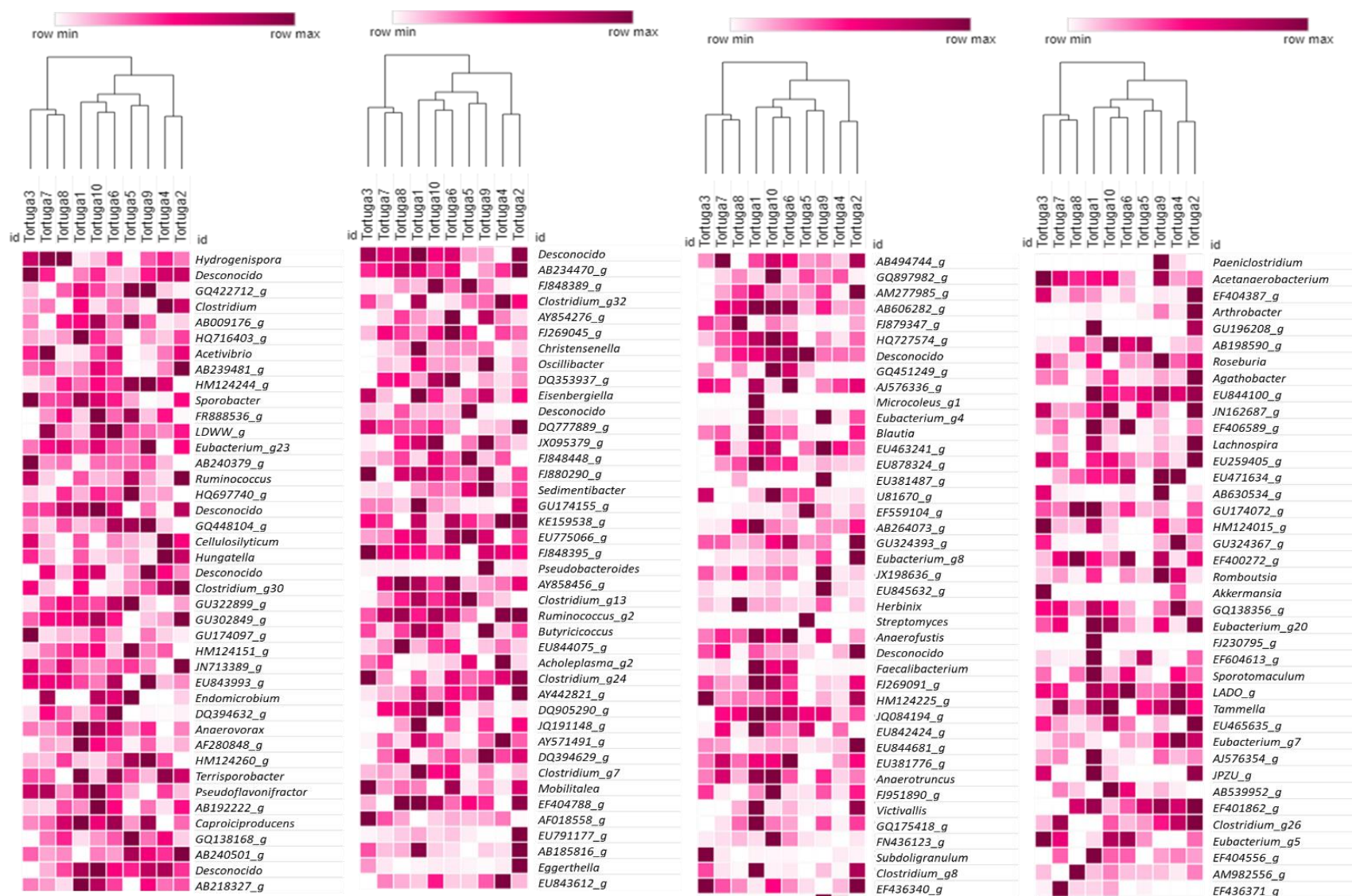


**Figura 46.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de tortuga del Bolsón (*Gopherus flavomarginatus*).

**Cuadro 33.** Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de tortuga del Bolsón (*Gopherus flavomarginatus*).

Géneros				
AB009176_g	AY442821_g	EF404556_g	FJ848395_g	Hydrogenispora
AB185816_g	AY571491_g	EF404788_g	FJ848448_g	JN713389_g
AB192222_g	AY854276_g	Eggerthella	FJ879347_g	JQ084194_g
AB218327_g	AY858456_g	Eisenbergiella	FR888536_g	JX095379_g
AB239481_g	Butyricicoccus	EU381776_g	GQ138168_g	JX198636_g
AB240379_g	Caproiciproducens	EU775066_g	GQ175418_g	Oscillibacter
AB240501_g	Cellulosilyticum	EU843612_g	GQ422712_g	Pseudobacteroides
AB264073_g	Christensenella	EU843993_g	GQ448104_g	Pseudoflavonifractor
AB494744_g	Clostridium	EU844075_g	GU174097_g	Ruminococcus
AB606282_g	Clostridium_g13	EU844681_g	GU302849_g	Ruminococcus_g2
Acetivibrio	Clostridium_g32	EU878324_g	GU322899_g	Sedimentibacter
Acholeplasma_g2	Clostridium_g7	Eubacterium_g23	GU324393_g	Sporobacter
AF280848_g	DQ353937_g	Eubacterium_g23	HM124151_g	Terrisporobacter
AJ576336_g	DQ394629_g	Eubacterium_g8	HM124244_g	
AM277985_g	DQ394632_g	FJ269045_g	HQ697740_g	
Anaerofustis	DQ777889_g	FJ269091_g	HQ716403_g	
Anaerovorax	DQ905290_g	FJ848389_g	Hungatella	





**Figura 47.** Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de tortuga del Bolsón (*Gopherus flavomarginatus*), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.

**Cuadro 34.** Prevalencia (%) de géneros y especies bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en muestras fecales de tortuga del Bolsón (*Gopherus flavomarginatus*).

Género y especie	Gram	Potencial	(%)	Referencia
<i>Campylobacter fetus</i>	-	Patógeno/zoonótico	20	Tu <i>et al.</i> , 2004; Bemejat <i>et al.</i> , 2014
<i>Corynebacterium</i>	+	Patógeno	60	García-De la Peña <i>et al.</i> , 2019b
<i>Fusobacterium</i>	-	Patógeno	10	García-De la Peña <i>et al.</i> , 2019b
<i>Micrococcus</i>	+	Patógeno	20	García-De la Peña <i>et al.</i> , 2019b

### 6.8 Murciélago pálido (*Antrozous pallidus*)

Se presentan resultados para muestras fecales de seis individuos adultos de murciélago. La media del número total de secuencias obtenidas para las dos muestras antes del ensamblaje fue de 192,128, la media de secuencias ensambladas fue de 183,079 y la media de secuencias desechadas fue 9,049; en promedio se eliminaron 5,494 quimeras, dejando una media de secuencias de calidad de 177,000. Tras la asignación taxonómica, se obtuvo una media de secuencias bacterianas de 147,404 que después de eliminar los singletons fue de 117,893 (Cuadro 35). Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que todas las curvas alcanzaron la asíntota a partir de 70,000 secuencias; el proceso de rarefacción se realizó a 103,000 secuencias (Figura 48). La media del índice de diversidad de Shannon fue de 6.3 y de Simpson fue de 0.92 (Cuadro 36).

Se registraron 19 phyla, de los cuales Firmicutes ( $\bar{x}$ =46.2%), Proteobacteria ( $\bar{x}$ =24.7%), Synergistetes ( $\bar{x}$ =17.6%), Bacteroidetes ( $\bar{x}$ =10.3%) y Cyanobacteria ( $\bar{x}$ =0.3%) fueron los más abundantes (Figura 49). Se determinaron 40 clases, entre las que Clostridia ( $\bar{x}$ =28.2%), Synergistia ( $\bar{x}$ =17.6%), Bacilli ( $\bar{x}$ =17.3%), Deltaproteobacteria ( $\bar{x}$ =12.5%) y Gammaproteobacteria ( $\bar{x}$ =11.4%) mostraron los porcentajes más altos. Se obtuvieron 74 órdenes de los cuales Clostridiales fue el

más abundante ( $\bar{x}$ =28.2%), seguido por Synergistales ( $\bar{x}$ =17.7%), Lactobacillales ( $\bar{x}$ =16.3%), Enterobacteriales ( $\bar{x}$ =10.8 %) y Bacteroidales ( $\bar{x}$ =10.3%).

**Cuadro 35.** Número de secuencias fecales obtenidas para cada individuo de murciélago pálido (*Antrozous pallidus*).

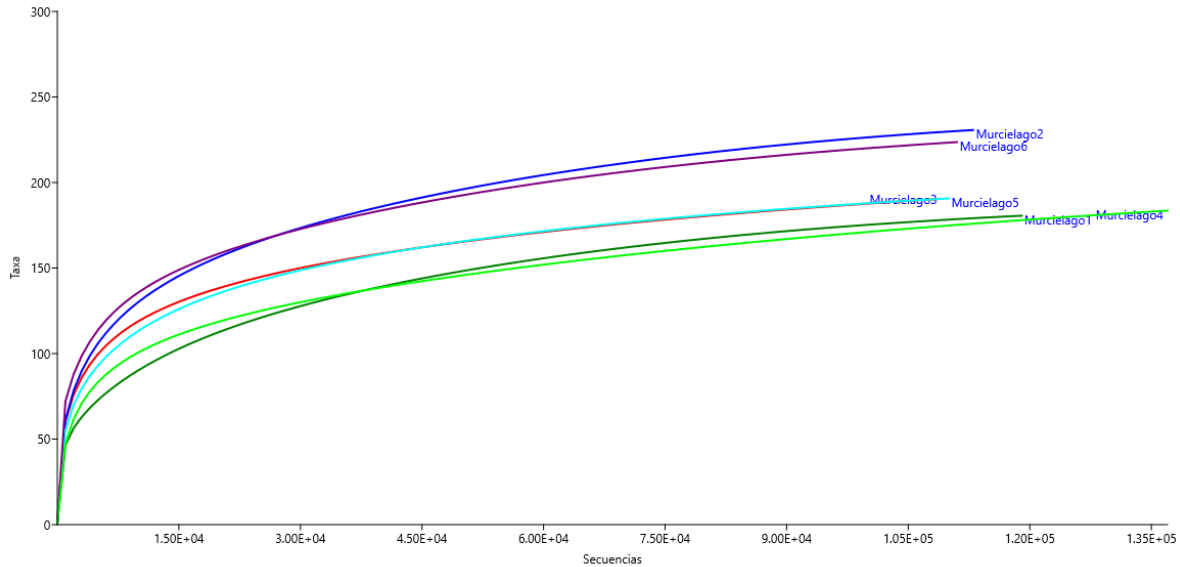
Individuo	Totales	<sup>1</sup> Ens	<sup>2</sup> Des	<sup>3</sup> QE	<sup>4</sup> SC	<sup>5</sup> SB	<sup>6</sup> SBSS
1	193,905	181,205	12,700	5,771	174,876	155,128	120,710
2	166,043	157,871	8,172	3,885	153,473	142,363	114,015
3	176,723	169,027	7,696	7,081	161,402	134,670	110,680
4	195,413	188,895	6,518	6,459	181,814	175,414	138,539
5	161,564	154,495	7,069	3,651	150,337	138,706	111,092
6	259,124	246,983	12,141	6,119	240,102	138,145	112,326
Media	192 128	183 079	9 049	5 494	177 000	147 404	117 893

<sup>1</sup>Ensamblas, <sup>2</sup>Desechadas, <sup>3</sup>QE: quimeras eliminadas, <sup>4</sup>SC: secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, <sup>5</sup>SB: secuencias bacterianas después de la asignación taxonómica, <sup>6</sup>SBSS: secuencias bacterianas después de la eliminación de los singletons.

**Cuadro 36.** Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de murciélago pálido (*Antrozous pallidus*).

Muestra	Índice Shannon	Índice Simpson
1	6.4	0.95
2	6.3	0.95
3	6.8	0.93
4	5.0	0.82
5	6.2	0.84
6	6.8	0.92
Media	6.3	0.92

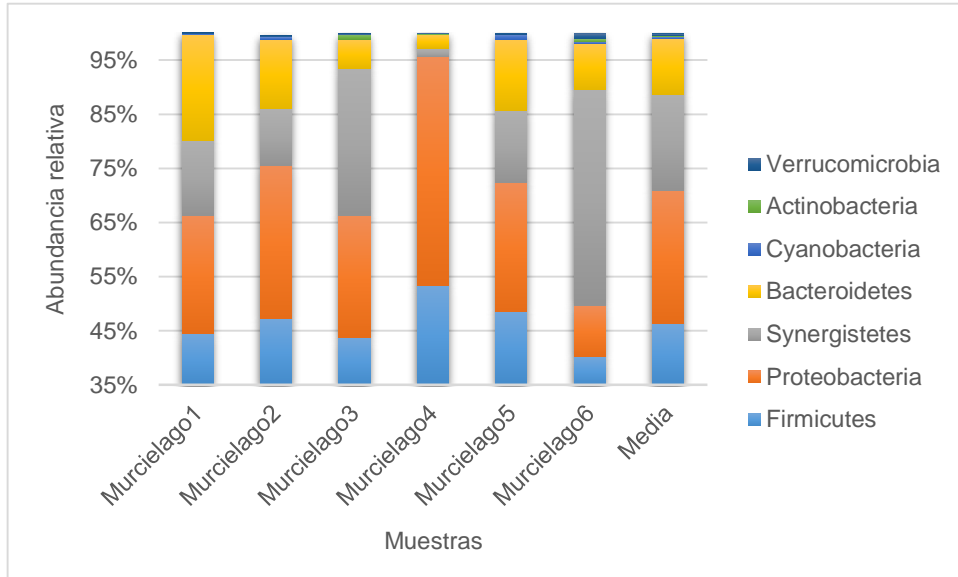
De las 141 familias registradas predominaron Synergistaceae ( $\bar{x}$ =17.6%), Ruminococcaceae ( $\bar{x}$ =15.8), Enterococcaceae ( $\bar{x}$ =15.3 %), Enterobacteriaceae ( $\bar{x}$ =10.8%) y Desulfovibrionaceae ( $\bar{x}$ =9.6%) (Figura 50). Se reportaron 379 géneros donde los más abundantes fueron *Tamella* ( $\bar{x}$ =16.8%), *Enterococcus* ( $\bar{x}$ =15.3%), EF404556\_g ( $\bar{x}$ =10.1%), *Desulfovibrio\_g2* ( $\bar{x}$ =9.3%) y *Dysgonomonas* ( $\bar{x}$ =6.0%). El mapa de calor de los géneros cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01% se muestra en la figura 51.



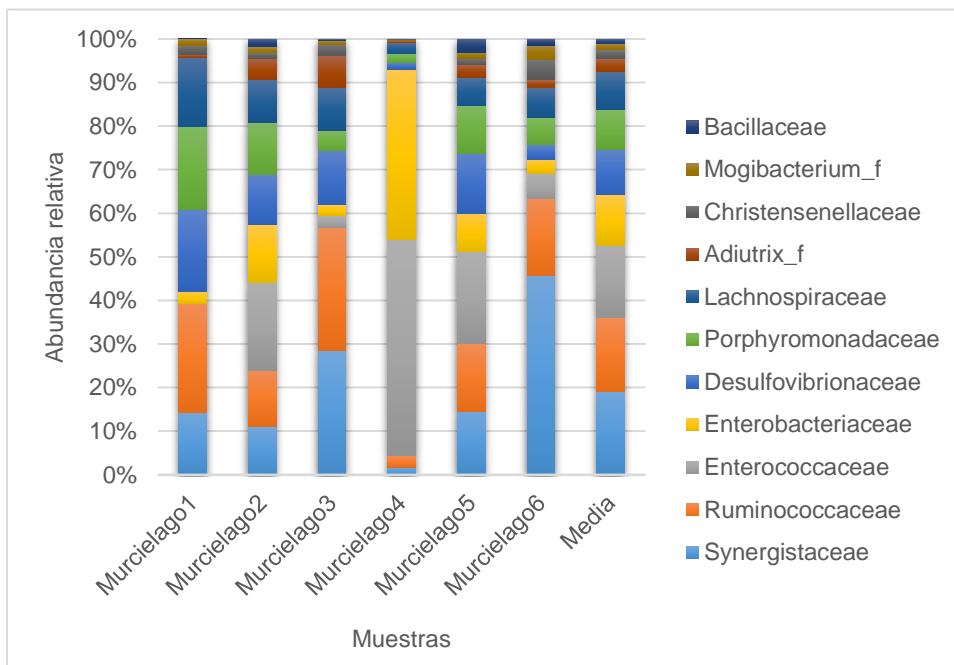
**Figura 48.** Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra de murciélago pálido (*Antrozous pallidus*) sin rarificar.

Se contabilizaron 447 especies de las cuales el 79.8% no se conoce, el 15.2% posee nomenclatura clave y solo el 5% tiene nombre conocido (*Beijerinckia indica*, *Campylobacter jejuni*, *Cronobacter dublinensis*, *Desulfovibrio africanus*, *Enterobacter asburiae*, *Enterococcus faecalis*, *Enterococcus saccharolyticus*, *Erwinia iniecta*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella quasipneumoniae*, *Lactobacillus sakei*, *Lactococcus lactis*, *Listeria grayi*, *Morganella morganii*, *Photorhabdus temperata*, *Pseudomonas chlororaphis*, *Salmonella enterica*, *Serratia marcescens*, *Sporomusa rhizae*, *Staphylococcus hominis*, *Staphylococcus succinus*, *Tammella caduceiae*).

Los géneros que se registraron como microbiota núcleo se muestran en la Cuadro 37. Con base en los resultados, se determinaron ocho géneros y especies de bacterias que, según la literatura disponible, son organismos patógenos o zoonóticos en murciélagos (Cuadro 38).



**Figura 49.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de murciélago pálido (*Antrozous pallidus*).



**Figura 50.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de murciélago pálido (*Antrozous pallidus*).

**Cuadro 37.** Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de murciélago pálido (*Antrozous pallidus*).

Géneros				
AB126235_g	<i>Bacillus</i>	<i>Dysgonomonas</i>	FJ374230_g	<i>Oxalobacter</i>
AB218327_g	<i>Bacteroides</i>	EF400272_g	FJ462126_g	<i>Proteiniphilum</i>
AB239481_g	<i>Butyricicoccus</i>	EF401862_g	FR888536_g	<i>Pseudoflavonifractor</i>
AB294309_g	<i>Cellulomonas</i>	EF402988_g	GQ175418_g	<i>Serratia</i>
<i>Actinobacillus</i>	<i>Christensenella</i>	EF404038_g	GU174072_g	<i>Sporobacter</i>
<i>Adiutrix</i>	<i>Citrobacter</i>	EF404387_g	GU302849_g	<i>Sporomusa</i>
AJ576336_g	<i>Clostridium_g24</i>	EF404556_g	HM123979_g	<i>Syntrophomonas</i>
AJ576381_g	<i>Clostridium_g6</i>	<i>Ensifer</i>	HQ716403_g	<i>Tamella</i>
<i>Alistipes</i>	<i>Clostridium_g7</i>	<i>Enterobacter</i>	JN713389_g	
AM277063_g	<i>Coprococcus_g1</i>	<i>Enterococcus</i>	JX457216_g	
<i>Anaerotruncus</i>	<i>Dehalobacter</i>	EU234093_g	JX575947_g	
<i>Anaerovorax</i>	<i>Desulfosporosinus</i>	EU259405_g	<i>Lactococcus</i>	
AY426448_g	<i>Desulfovibrio_g2</i>	FJ269091_g	LADO_g	

**Cuadro 38.** Prevalencia (%) de géneros y especies bacterianas potencialmente patógenas y zoonóticas registradas en las muestras fecales de murciélago pálido (*Antrozous pallidus*).

Géneros y especies	Gram	Potencial	(%)	Referencias
<i>Bartonella</i>	-	Patógeno/Zoonótico	50	Kosoy <i>et al.</i> , 2010; Ferreira <i>et al.</i> , 2018, Bai <i>et al.</i> , 2018
<i>Campylobacter jejuni</i>	-	Zoonótico	17	Hatta <i>et al.</i> , 2016, Hazeleger <i>et al.</i> , 2018
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	-	Patógena/zoonótico	50	Martínez y Díaz, 2013;
<i>Klebsiella quasipneumoniae</i>	-	Zoonótico	84	Brisse <i>et al.</i> , 2014; Rodrigues <i>et al.</i> , 2018 Mühldorfer, 2012;
<i>Salmonella enterica</i>	-	Zoonótico	84	Arias, 2013; Islam <i>et al.</i> , 2013
<i>Serratia marcescens</i>	-	Zoonótico	100	Hume y Willcox, 2004; Cláudio <i>et al.</i> , 2018
<i>Proteus</i>	-	Zoonótico	33	Penner, 2006; Drzewiecka, 2016
<i>Treponema</i>	-	Zoonótico	50	Radolf, 1996



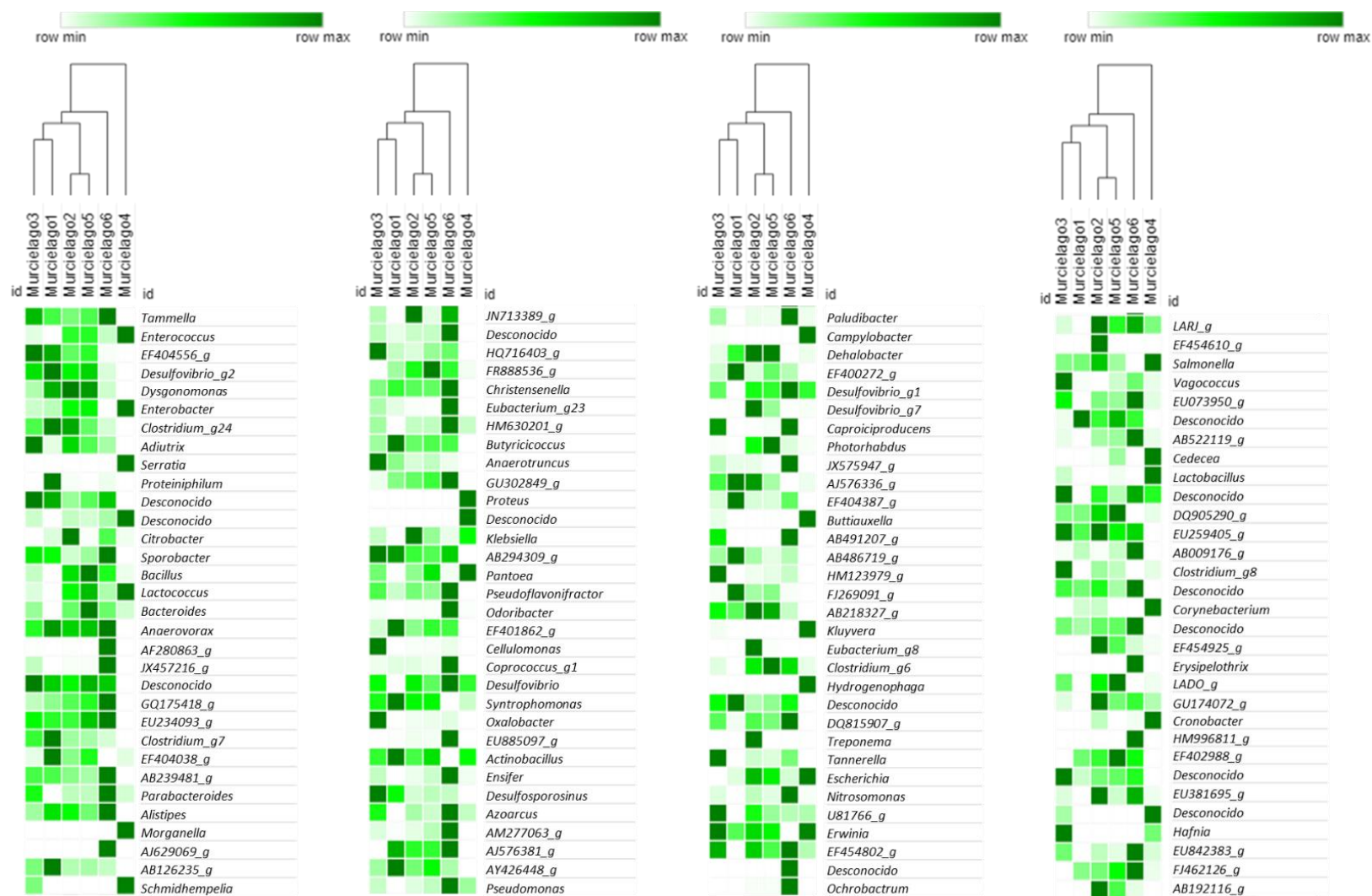


Figura 51. Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de murciélagó pálido (*Antrozous pallidus*), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.

## 6.9 Rata canguro de Merriam (*Dipodomys merriami*)

Se presentan resultados para muestras fecales de siete individuos adultos de rata canguro de Merriam. La media del número total de secuencias obtenidas para las muestras antes del ensamblaje fue de 194,578, la media de secuencias ensambladas fue de 184,136 y la media de secuencias desechadas fue 10,442; en promedio se eliminaron 3,026 quimeras, dejando una media de secuencias de calidad de 180,079. Tras la asignación taxonómica, se obtuvo una media de secuencias bacterianas de 161,648 que después de eliminar los singletons fue de 130,634 (Cuadro 39). Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que todas las curvas alcanzaron la asíntota a partir de 60,000 secuencias; el proceso de rarefacción se realizó a 100,000 secuencias (Figura 52). La media del índice de diversidad de Shannon fue de 7.8 y de Simpson fue de 0.98 (Cuadro 40).

**Cuadro 39.** Número de secuencias fecales obtenidas para cada individuo de Rata canguro de Merriam (*Dipodomys merriami*).

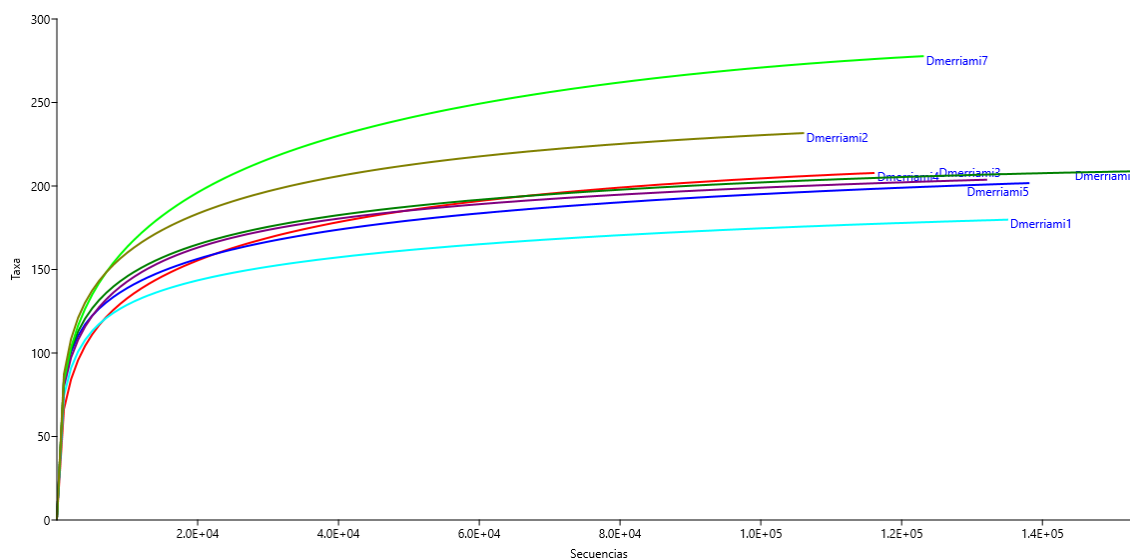
Individuo	Totales	<sup>1</sup> Ens	<sup>2</sup> Des	<sup>3</sup> QE	<sup>4</sup> SC	<sup>5</sup> SB	<sup>6</sup> SBSS
1	192,612	184,166	8,446	3,510	180,100	165,271	136,367
2	162,630	152,575	10,055	2,732	149,410	136,464	107,545
3	204,079	191,583	12,496	1,601	189,392	170,247	133,845
4	176,681	167,281	9,400	4,975	161,857	144,596	117,117
5	201,261	190,760	10,501	3,010	187,150	171,121	139,854
6	234,374	222,625	11,749	2,960	218,973	188,427	155,695
7	190,408	179,963	10,445	2,393	173,671	155,410	124,018
Media	194 578	184 136	10 442	3 026	180 079	161 648	130 634

<sup>1</sup>Ensamblas, <sup>2</sup>Desechadas, <sup>3</sup>QE: quimeras eliminadas, <sup>4</sup>SC: secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, <sup>5</sup>SB: secuencias bacterianas después de la asignación taxonómica, <sup>6</sup>SBSS: secuencias bacterianas después de la eliminación de los singletons.



**Cuadro 40.** Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de rata canguro de Merriam (*Dipodomys merriami*).

Muestra	Índice Shannon	Índice Simpson
1	7.2	0.98
2	8.4	0.99
3	8.2	0.98
4	7.0	0.97
5	7.8	0.99
6	7.6	0.97
7	8.3	0.98
Media	7.8	0.98



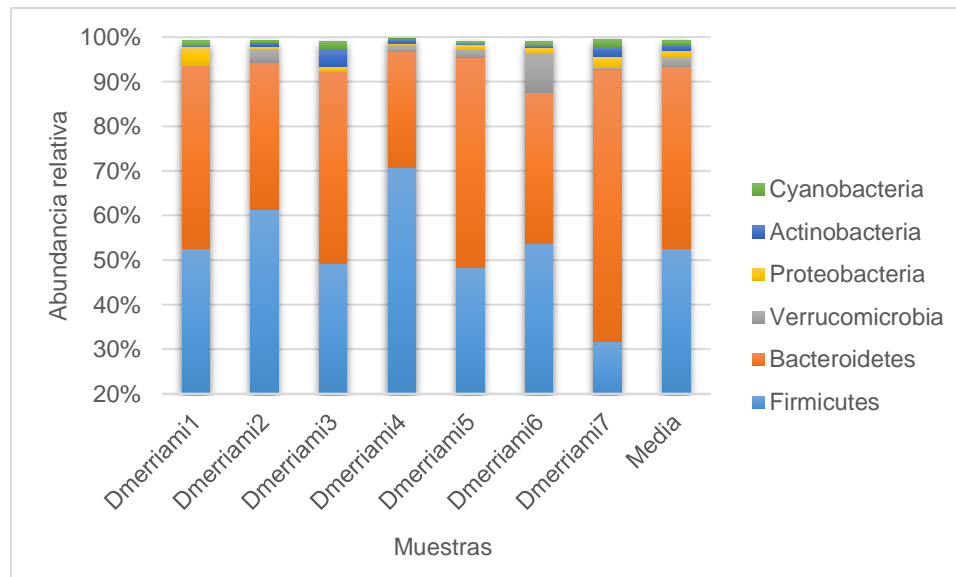
**Figura 52.** Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra fecal de rata canguro de Merriam (*Dipodomys merriami*) sin rarificar.

Se registraron 21 phyla, de los cuales, Firmicutes ( $\bar{x}=52.5\%$ ), Bacteroidetes ( $\bar{x}=40.8\%$ ), Verrucomicrobia ( $\bar{x}=2.1\%$ ), Proteobacteria ( $\bar{x}=1.6\%$ ) y Actinobacteria ( $\bar{x}=1.2\%$ ) fueron los más abundantes (Figura 53). Se determinaron 46 clases, entre las que Clostridia ( $\bar{x}=47.6\%$ ), Bacteroidia ( $\bar{x}=40.8\%$ ), Bacilli ( $\bar{x}=4.6\%$ ), Verrucomicrobiae ( $\bar{x}=2.1\%$ ) y Alphaproteobacteria ( $\bar{x}=0.91\%$ ) mostraron los porcentajes más altos. Se obtuvieron 74 órdenes de los cuales Bacteroidales ( $\bar{x}=40.8\%$ ), Lactobacillales ( $\bar{x}=4.6\%$ ), Verrucomicrobiales ( $\bar{x}=2.1\%$ ) y FR888536\_o ( $\bar{x}=0.84\%$ ) fueron los más abundantes.

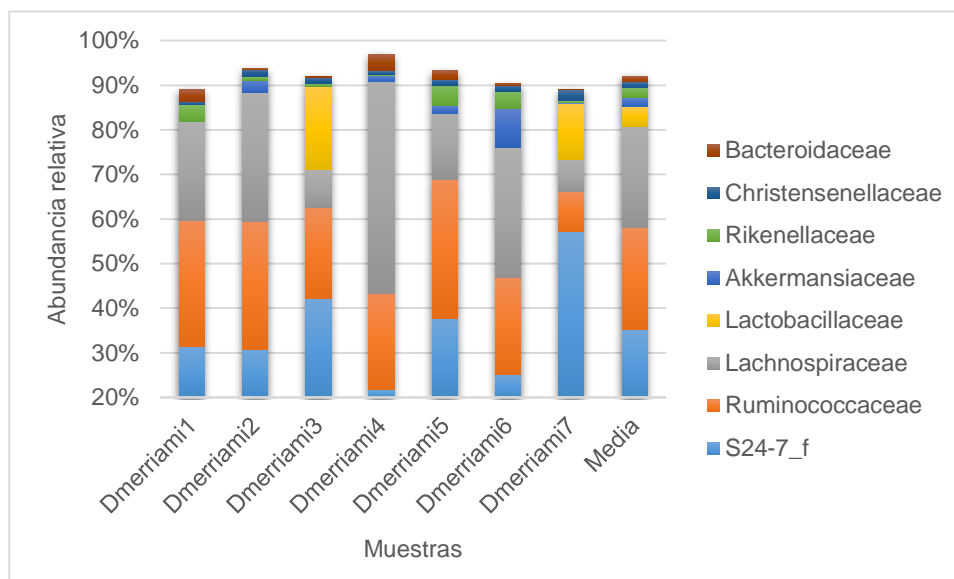
De las 127 familias registradas predominaron s24-7\_f ( $\bar{x}=35.1\%$ ), Ruminococcaceae ( $\bar{x}=23\%$ ), Lachnospiraceae ( $\bar{x}=22.6\%$ ), Lactobacillaceae

( $\bar{x}$ =4.4%) y Akkermansiaceae ( $\bar{x}$ =2.1%) (Figura 54). Se reportaron 427 géneros donde los más abundantes fueron Genero desconocido de S24-7\_f ( $\bar{x}$ =9.8%), EF602759\_g ( $\bar{x}$ =8.5%), *Eisenbergiella* ( $\bar{x}$ =6.8%), *Ruminococcus* ( $\bar{x}$ =5%) y JN713389\_g ( $\bar{x}$ =4.7%). El mapa de calor de los géneros cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01% se muestran en la figura 55.

Se contabilizaron 548 especies las cuales el 74% no se conoce, el 23.7% posee nomenclatura clave y solo el 2.3% tiene nombre conocido (*Alistipes inops*, *Bacillus subtilis*, *Bifidobacterium animalis*, *Bifidobacterium pseudolongum*, *Bifidobacterium thermacidophilum*, *Christensenella minuta*, *Kallotenue papyrolyticum*, *Lactobacillus delbrueckii*, *Propionibacterium acnes*, *Sanguibacteroides justesenii*, *Staphylococcus petrasii*, *Streptococcus gallolyticus*, *Treponema porcinum*). Los géneros que se registraron como microbiota núcleo se muestran en la Cuadro 41. Con base en los resultados, se determinaron siete géneros de bacterias que, según la literatura disponible, son organismos patógenos o zoonóticos en roedores (Cuadro 42).



**Figura 53.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de rata canguro de Merriam (*Dipodomys merriami*).



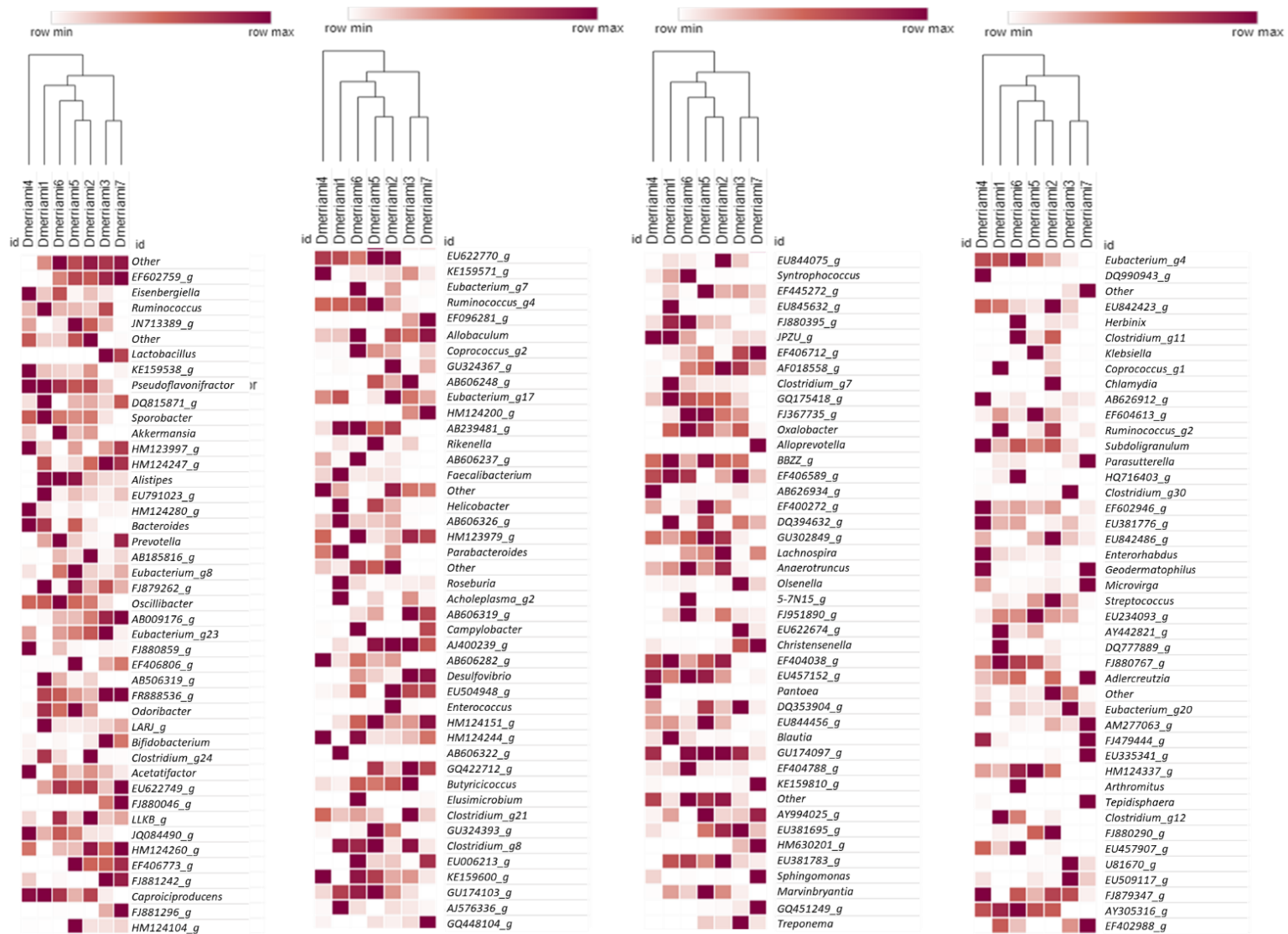
**Figura 54.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de rata canguro de Merriam (*Dipodomys merriami*).

**Cuadro 41.** Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de rata canguro de Merriam (*Dipodomys merriami*).

Géneros		
<i>AB009176_g</i>	<i>EF602946_g</i>	<i>HM124260_g</i>
<i>AB185816_g</i>	<i>Eisenbergiella</i>	<i>JN713389_g</i>
<i>AB606282_g</i>	<i>EU234093_g</i>	<i>JQ084490_g</i>
<i>Adlercreutzia</i>	<i>EU504948_g</i>	<i>KE159538_g</i>
<i>Anaerotruncus</i>	<i>EU844456_g</i>	<i>KE159600_g</i>
<i>BBZZ_g</i>	<i>Eubacterium_g17</i>	<i>Oscillibacter</i>
<i>Butyricicoccus</i>	<i>Eubacterium_g23</i>	<i>Pseudoflavonifractor</i>
<i>Caproiciproducens</i>	<i>HM123979_g</i>	<i>Ruminococcus</i>
<i>EF406589_g</i>	<i>HM124151_g</i>	<i>Sporobacter</i>
<i>EF445272_g</i>	<i>HM124244_g</i>	<i>Subdoligranulum</i>

**Cuadro 42.** Prevalencia (%) de géneros bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en muestras fecales de rata canguro de Merriam (*Dipodomys merriami*).

Géneros y especies	Gram	Potencial	(%)	Referencias
<i>Corynebacterium</i>	+	Patógeno/zoonótico	14.2	Acha y Szyfres; 2001; Ciuderis-Aponte Ochoa-Amaya, 2010
<i>Campylobacter</i>	-	Patógeno/zoonótico	57	Meerburg <i>et al.</i> , 2006; Meerburg y Kijlstra, 2007
<i>Chlamydia</i>	-	Patógeno/zoonótico	14.2	Batteiger, 2012; Ramsey <i>et al.</i> , 2016; Borel <i>et al.</i> , 2018
<i>Citrobacter</i>	-	Patógeno	14.2	Borenshtein <i>et al.</i> , 2007; Bouladoux <i>et al.</i> , 2017
<i>Klebsiella</i>	-	Patógeno/zoonótico	71	Jackson <i>et al.</i> , 1980; Podschun y Ullmann, 1998; Bleich <i>et al.</i> , 2008.
<i>Streptococcus</i>	+	Patógeno	86	Bell <i>et al.</i> , 1958
<i>Streptobacillus</i>	-	Zoonótico	14.2	Elliot, 2007, Gaastra <i>et al.</i> , 2009; Gupta y Oliver, 2019

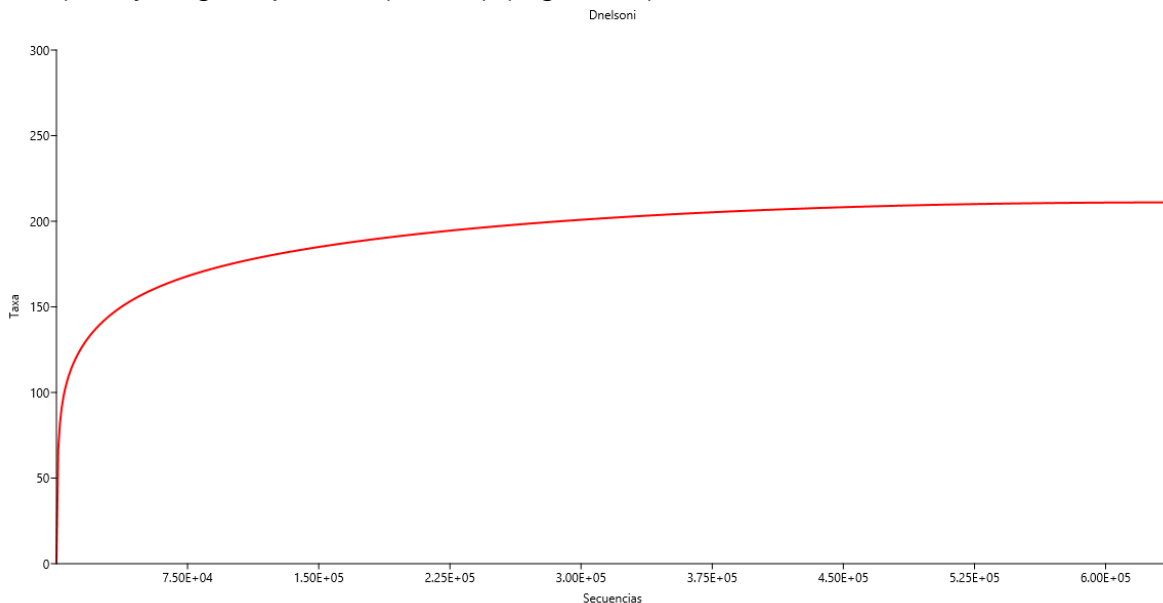


**Figura 55.** Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de rata canguro de Merriam (*Dipodomys merriami*), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.

## 6.10 Rata canguro de Nelson (*Dipodomys nelsoni*)

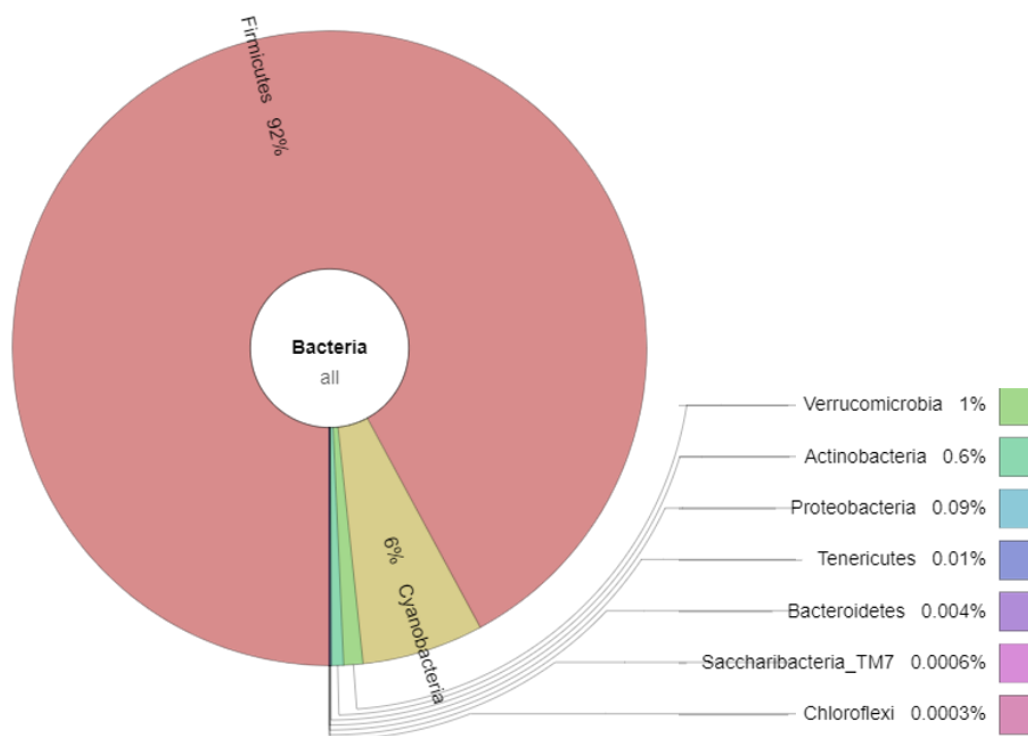
Se presentan resultados para muestras de fecal de rata canguro de Nelson. El número total de secuencias obtenidas antes del ensamblaje fue de 2,623,935, las secuencias ensambladas fueron 1,102,213 y las secuencias desechadas fueron 1,521,722. Tras la asignación taxonómica, se obtuvieron 1,006,226 secuencias bacterianas que después de eliminar los singletons quedaron 637,068. Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que la curva alcanzó la asíntota cerca de las 300,000 secuencias (Figura 56). El índice de diversidad de Shannon fue de 9.2 y de Simpson fue de 0.98.

Se registraron nueve phyla, de los cuales Firmicutes (92.1%), Cyanobacteria (6.2%), Verrucomicrobia (0.98%), Actinobacteria (0.60%) y Proteobacteria (0.08%) fueron los más abundantes (Figura 57). Se determinaron 14 clases, entre las que Clostridia (92%), Vampirovibrio\_c (6.2%), Verrucomicrobiae (0.98%), Coriobacteriia (0.60%) y Negativicutes (0.09%) mostraron los porcentajes más altos (Figura 58). Se obtuvieron 28 órdenes de los cuales Clostridiales fue el más abundante (92%), seguido por FR888526\_o (6.2%), Verrucomicrobiales (0.98%), Coriobacteriales (0.6%) e Hydrogenispora\_o (0.09%) (Figura 59).

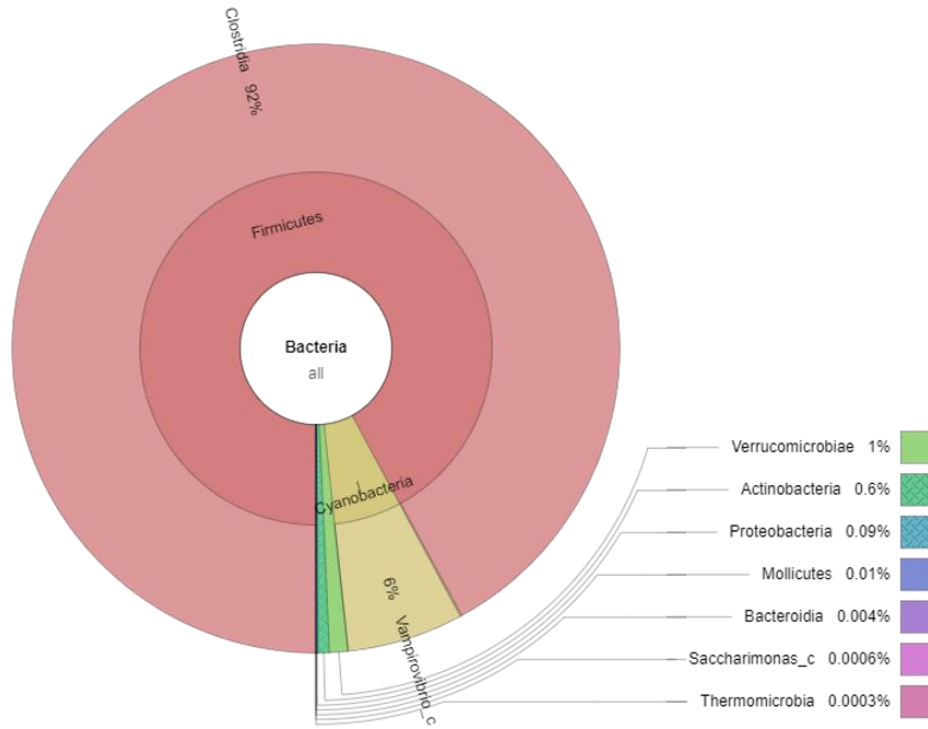


**Figura 56.** Número de secuencias por el número de OTUs de la muestra de rata canguro de Nelson (*Dipodomys nelsoni*) sin rarificar.

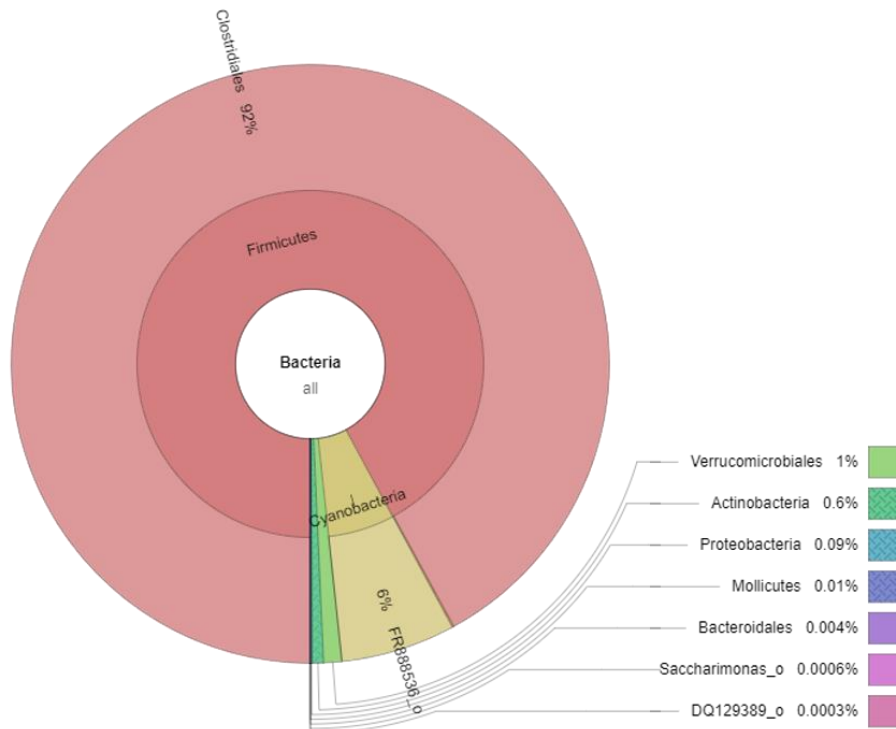
De las 41 familias registradas predominaron Ruminococcaceae (57.7%), Lachnospiraceae (27.3%), Christenellaceae (6.7%), FR888536\_f (6.2%) y Akkermansiaceae (0.98%) (Figura 60). Se reportaron 210 géneros (Figura 61) donde los más abundantes fueron *Pseudoflavonifactor* (16.7%), JN713389\_g (11.3%), KE159538\_g (8.6%), *Sporobacter* (8.5%) y *Eisenbergiella* (6.6%). Se determinaron 244 especies, de las cuales el 83.6% no se conoce y 16.4% posee nomenclatura clave. Con base en los resultados, se determinó un solo género bacteriano que, según la literatura disponible, es un organismo patógeno en roedores (Cuadro 43).



**Figura 57.** Abundancia relativa (%) de los principales phyla de bacterias fecales de rata canguro de Nelson (*Dipodomys nelsoni*).

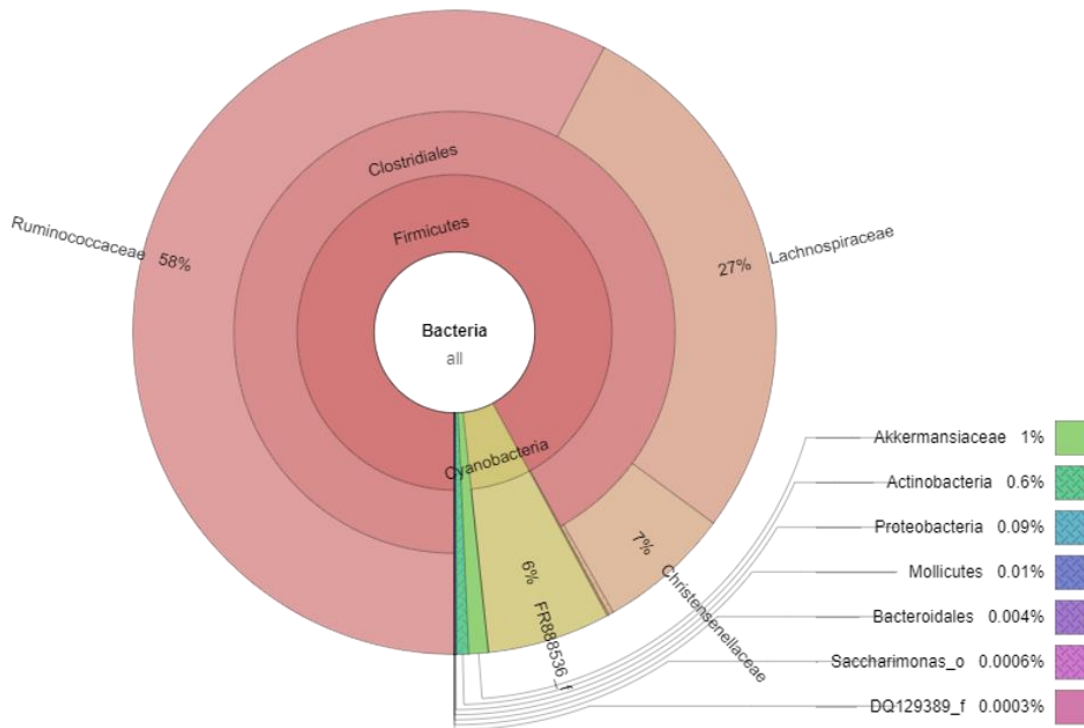


**Figura 58.** Abundancia relativa (%) de las principales clases de bacterias fecales de rata canguro de Nelson (*Dipodomys nelsoni*).

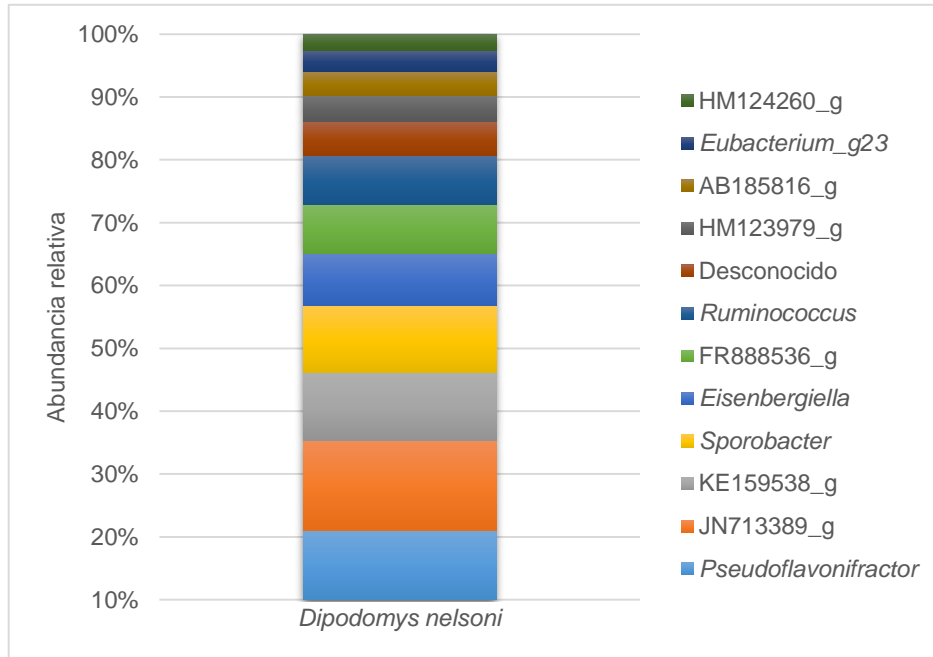


**Figura 59.** Abundancia relativa (%) de los principales ordenes de bacterias fecales de rata canguro de Nelson (*Dipodomys nelsoni*).





**Figura 60.** Abundancia relativa (%) de las principales familias de bacterias fecales de rata canguro de Nelson (*Dipodomys nelsoni*).



**Figura 61.** Abundancia relativa (%) de los principales géneros de bacterias fecales de rata canguro de Nelson (*Dipodomys nelsoni*).

**Cuadro 43.** Género bacteriano potencialmente patógeno registrado en rata canguro de Nelson (*Dipodomys nelsoni*) según la literatura disponible.

Género y especie	Gram	Potencial	Referencia
<i>Mycobacterium</i>	+	Patógeno/zoonótico	Ashford <i>et al.</i> , 2001; Cavanagh <i>et al.</i> , 2002; McClure, 2011

### 6.11 Ratón de abazones chihuahuense (*Chaetodipus eremicus*)

Se presentan resultados para muestras fecales de tres individuos adultos de ratón de bolsillo del desierto de Chihuahua. La media del número total de secuencias obtenidas para las muestras antes del ensamblaje fue de 186,440, la media de secuencias ensambladas fue de 174,945 y la media de secuencias desechadas fue 11,495; en promedio se eliminaron 5,466 quimeras, dejando una media de secuencias de calidad de 168,948. Tras la asignación taxonómica, se obtuvo una media de secuencias bacterianas de 147,138 que después de eliminar los singletons fue de 120,012 (Cuadro 44).

Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que todas las curvas alcanzaron la asíntota a partir de 70,000 secuencias; el proceso de rarefacción se realizó a 90,000 secuencias (Figura 62). La media del índice de diversidad de Shannon fue de 7.0 y de Simpson fue de 0.96 (Cuadro 45).

Se registraron 10 phyla, de los cuales Bacteroidetes ( $\bar{x}$ =53.2%), Firmicutes ( $\bar{x}$ =39.4%), Verrucomicrobia ( $\bar{x}$ =4.8%), Proteobacteria ( $\bar{x}$ =1.4%) y Tenericutes ( $\bar{x}$ =0.5%) fueron los más abundantes (Figura 63). Se determinaron 20 clases, entre las que Bacteroidia ( $\bar{x}$ =53.2%), Clostridia ( $\bar{x}$ =39.4%), Verrucomicrobiae ( $\bar{x}$ =4.8%), Alphaproteobacteria ( $\bar{x}$ =1 %) y Mollicutes ( $\bar{x}$ =0.5%) mostraron los porcentajes más altos. Se obtuvieron 32 órdenes, de los cuales Bacteroidales ( $\bar{x}$ =53.2%), Clostridiales ( $\bar{x}$ =39.4%), Verrucomicrobiales ( $\bar{x}$ =4.8%), Rhodospirillales ( $\bar{x}$ =0.9%) y GU196243\_o ( $\bar{x}$ =0.4%) fueron predominantes.

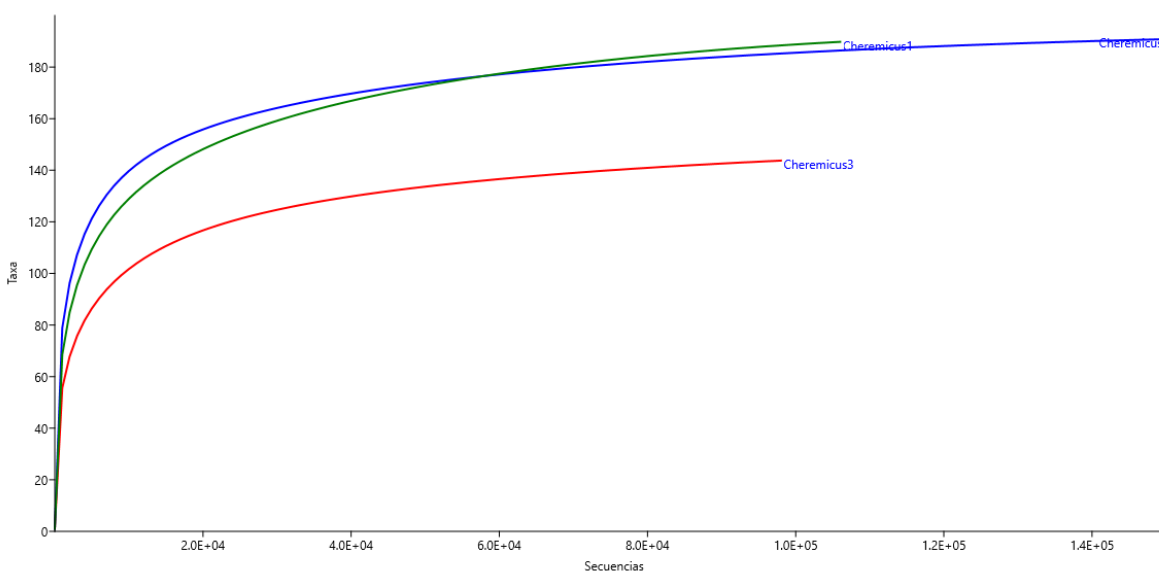
**Cuadro 44.** Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de ratón de abazones chihuahuense (*Chaetodipus eremicus*).

Individuo	Totales	<sup>1</sup> Ens	<sup>2</sup> Des	<sup>3</sup> QE	<sup>4</sup> SC	<sup>5</sup> SB	<sup>6</sup> SBSS
1	165,833	157,280	8,553	10,856	145,945	130,442	107,438
2	225,177	210,702	14,475	3,252	206,800	187,430	152,626
3	168,310	156,853	11,457	2,289	154,098	123,541	99,973
Media	186 440	174 945	11 495	5 466	168 948	147 138	120 012

<sup>1</sup>Ensamblas, <sup>2</sup>Desechadas, <sup>3</sup>QE: quimeras eliminadas, <sup>4</sup>SC: secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, <sup>5</sup>SB: secuencias bacterianas después de la asignación taxonómica, <sup>6</sup>SBSS: secuencias bacterianas después de la eliminación de los singletons.

**Cuadro 45.** Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de ratón de abazones chihuahuense (*Chaetodipus eremicus*).

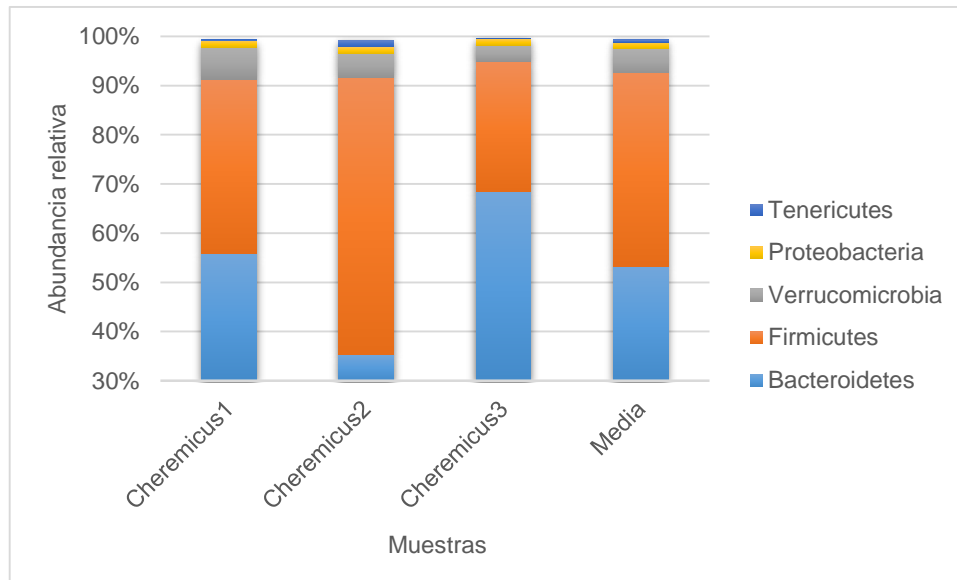
Muestra	Índice Shannon	Índice Simpson
1	6.9	0.95
2	7.5	0.98
3	6.8	0.97
Media	7.0	0.96



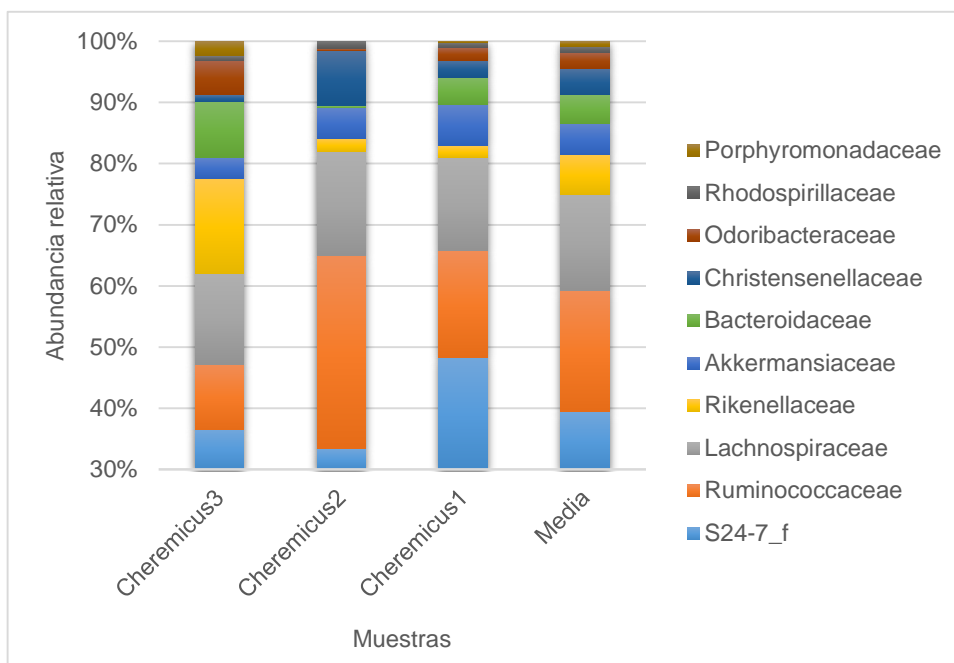
**Figura 62.** Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra fecal de ratón de abazones chihuahuense (*Chaetodipus eremicus*) sin rarificar.

De las 58 familias registradas predominaron S24-7\_f ( $\bar{x}$ = 38.6%), Ruminococcaceae ( $\bar{x}$ =19.3%), Lachnospiraceae ( $\bar{x}$ =15.3%), Rikenellaceae ( $\bar{x}$ =6.5%) y Akkermansiaceae ( $\bar{x}$ =4.8%) (Figura 64). Se reportaron 254 géneros donde los más abundantes fueron Genero desconocido de S24-7\_f ( $\bar{x}$ =18.5%), *Eisenbergiella*

( $\bar{x}$ =6.5%), EF602759\_g ( $\bar{x}$ =5.8%), *Alistipes* ( $\bar{x}$ =5.6%) y 230 ( $\bar{x}$ =4.8%). El mapa de calor de los géneros cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01% se muestra en la figura 65 Se contabilizaron 325 especies las cuales el 73.8% no se conoce, el 25.6% posee nomenclatura clave y solo el 0.6% tiene nombre conocido (*Parabacteroides goldsteinii*, *Streptococcus constellatus*). Los géneros que se registraron como microbiota núcleo se muestran en la Cuadro 46.



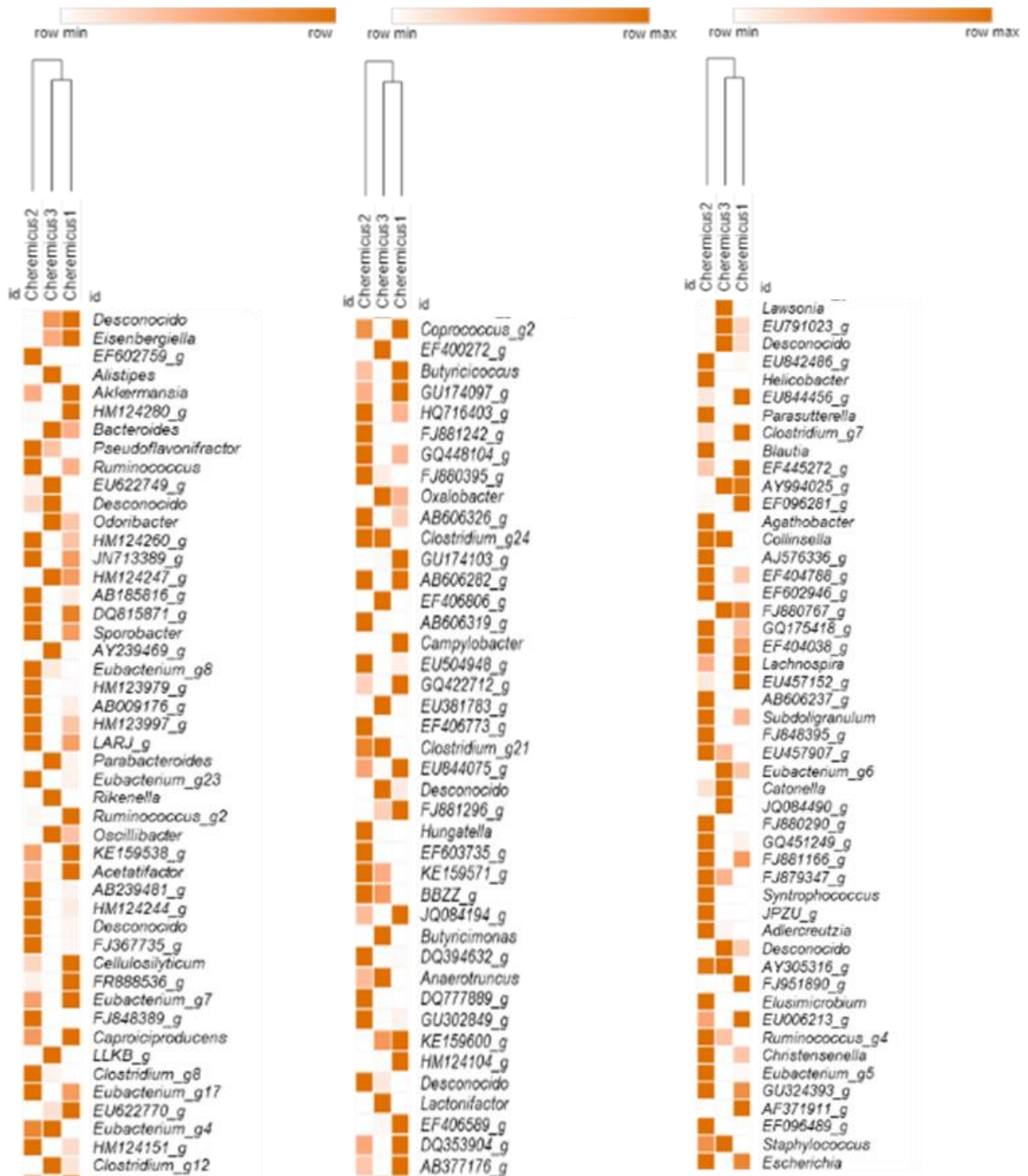
**Figura 63.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de ratón de abazones chihuahuense (*Chaetodipus eremicus*).



**Figura 64.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de ratón de abazones chihuahuense (*Chaetodipus eremicus*).

**Cuadro 46.** Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de ratón de abazones chihuahuense (*Chaetodipus eremicus*).

Géneros		
AB185816_g	DQ353904_g	FJ880767_g
AB218327_g	DQ815350_g	FR888536_g
AB239481_g	EF400272_g	GQ175418_g
AB606237_g	EF402988_g	GU174097_g
AB606282_g	EF404038_g	GU174103_g
AB606326_g	EF404788_g	GU302849_g
AB626934_g	EF406589_g	HM123979_g
Acetatifactor	EF445272_g	HM124151_g
Adlercreutzia	EF602759_g	HM124244_g
Akkermansia	EF602946_g	HM124260_g
Alistipes	Eisenbergiella	HQ716403_g
Anaerotruncus	Enterococcus	JN713389_g
AY305316_g	EU381776_g	JPZU_g
AY994025_g	EU457152_g	KE159538_g
BBZZ_g	EU457907_g	KE159571_g
Blautia	EU504948_g	LLKB_g
Butyricoccus	EU622770_g	Oscillibacter
Caproiciproducens	EU842486_g	Pseudoflavonifractor
Catonella	EU844456_g	Ruminococcus
Cellulosilyticum	Eubacterium_g23	Ruminococcus
Clostridium_g21	Eubacterium_g8	Ruminococcus_g2
Clostridium_g24	Faecalibacterium	Sporobacter
Clostridium_g7	FJ879347_g	Subdoligranulum
Collinsella	FJ880395_g	



**Figura 65.** Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de ratón de abazones chihuahuense (*Chaetodipus eremicus*), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.

Con base en los resultados, se determinaron cuatro géneros y especies de bacterias que, según la literatura disponible, son organismos patógenos o zoonóticos en roedores (Cuadro 47).

**Cuadro 47.** Prevalencia (%) de géneros y especies bacterianas potencialmente patógenas y zoonóticas registradas en muestras fecales de ratón de bolsillo del desierto de Chihuahua (*Chaetodipus eremicus*).

Género y especie	Gram	Potencial	(%)	Referencia
<i>Campylobacter</i>	-	Patógeno/zoonótico	33.3	Meerburg <i>et al.</i> , 2006; Meerburg y Kijlstra, 2007
<i>Citrobacter</i>	-	Patógeno	67	Borenshtein <i>et al.</i> , 2007; Bouladoux <i>et al.</i> , 2017
<i>Klebsiella</i>	-	Patógeno/zoonótico	33.3	Jackson <i>et al.</i> , 1980; Podschun y Ullmann, 1998; Bleich <i>et al.</i> , 2008
<i>Streptococcus constellatus</i>	+	Zoonótico	33.3	Díaz-Peromingo <i>et al.</i> , 2006.

## 6.12 Ratón de bolsillo de Nelson (*Chaetodipus nelsoni*)

Se presentan resultados para muestras fecales de dos individuos adultos de ratón de bolsillo de Nelson. La media del número total de secuencias obtenidas para las dos muestras antes del ensamblaje fue de 185,688, la media de secuencias ensambladas fue de 175,905 y la media de secuencias desechadas fue 9,781; en promedio se eliminaron 2,521 quimeras, dejando una media de secuencias de calidad de 172,857. Tras la asignación taxonómica, se obtuvo una media de secuencias bacterianas de 141,573 que después de eliminar los singletons fue de 119,639 (Cuadro 48). Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que todas las curvas alcanzaron la asíntota a partir de 48,000 secuencias; el proceso de rarefacción se realizó a 103,000 secuencias (Figura 66). La media del índice de diversidad de Shannon fue de 7.3 y de Simpson fue de 0.97 (Cuadro 49).

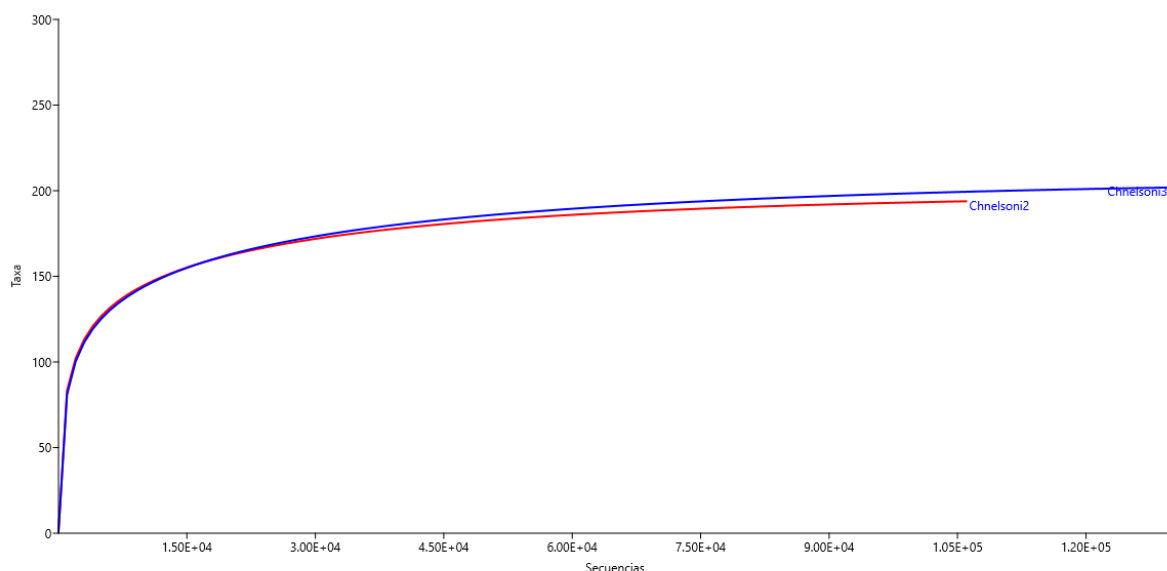
**Cuadro 48.** Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de ratón de abazones de Nelson (*Chaetodipus nelsoni*).

Individuo	Totales	<sup>1</sup> Ens	<sup>2</sup> Des	<sup>3</sup> QE	<sup>4</sup> SC	<sup>5</sup> SB	<sup>6</sup> SBSS
1	187,620	176,442	11,178	2,235	173,671	130,354	107,734
2	183,754	175,369	8,385	2,808	172,043	152,793	131,544
Media	185 688	175 905	9 781	2 521	172 857	141 573	119 639

<sup>1</sup>Ensamblas, <sup>2</sup>Desechadas, <sup>3</sup>QE: quimeras eliminadas, <sup>4</sup>SC: secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, <sup>5</sup>SB: secuencias bacterianas después de la asignación taxonómica, <sup>6</sup>SBSS: secuencias bacterianas después de la eliminación de los singletons.

**Cuadro 49.** Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de ratón de abazones de Nelson (*Chaetodipus nelsoni*)

Muestra	Índice Shannon	Índice Simpson
1	7.1	0.97
2	7.4	0.98
Media	7.3	0.97



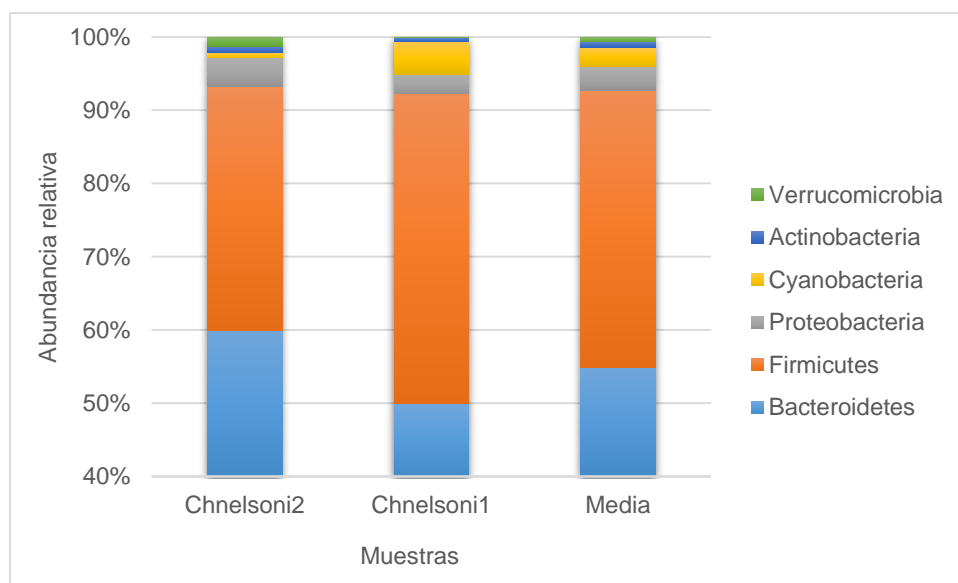
**Figura 66.** Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra ratón de abazones de Nelson (*Chaetodipus nelsoni*) sin rarificar.

Se registraron 12 phyla, de los cuales, Bacteroidetes ( $\bar{x}$ =54.5 %), Firmicutes ( $\bar{x}$ =37.5%), Proteobacteria ( $\bar{x}$ =3.2%), Cyanobacteria ( $\bar{x}$ =2.5%) y Actinobacteria ( $\bar{x}$ =0.7%) fueron los más abundantes (Figura 67). Se determinaron 22 clases, entre

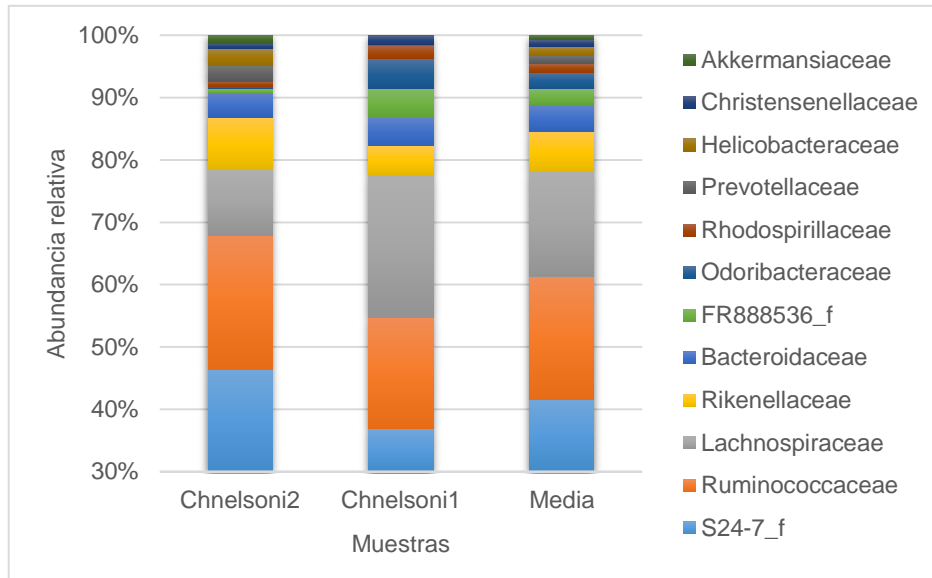


las que Bacteroidia ( $\bar{x}$ =54.5%), Clostridia ( $\bar{x}$ =37.1 %), Vampirovibrio\_c ( $\bar{x}$ =2.5%), Epsilonproteobacteria ( $\bar{x}$ =1.4%) y Alphaproteobacteria ( $\bar{x}$ =1.4%) mostraron los porcentajes más altos. Se obtuvieron 31 órdenes de los cuales Bacteroidales fue el más abundante ( $\bar{x}$ = 54.5%), seguido por Clostridiales ( $\bar{x}$ =37.1%), FR888536\_o ( $\bar{x}$ =2.5%), Campylobacterales ( $\bar{x}$ =1.44%) y Rhodospirillales ( $\bar{x}$ =1.4%). De las 52 familias registradas predominaron S27-7\_f ( $\bar{x}$ = 40.1%), Ruminococcaceae ( $\bar{x}$ =18.8), Lachnospiraceae ( $\bar{x}$ =16.2%), Rikenellaceae ( $\bar{x}$ =6.1%) y Bacteroidiaceae ( $\bar{x}$ =4.1%) (Figura 68).

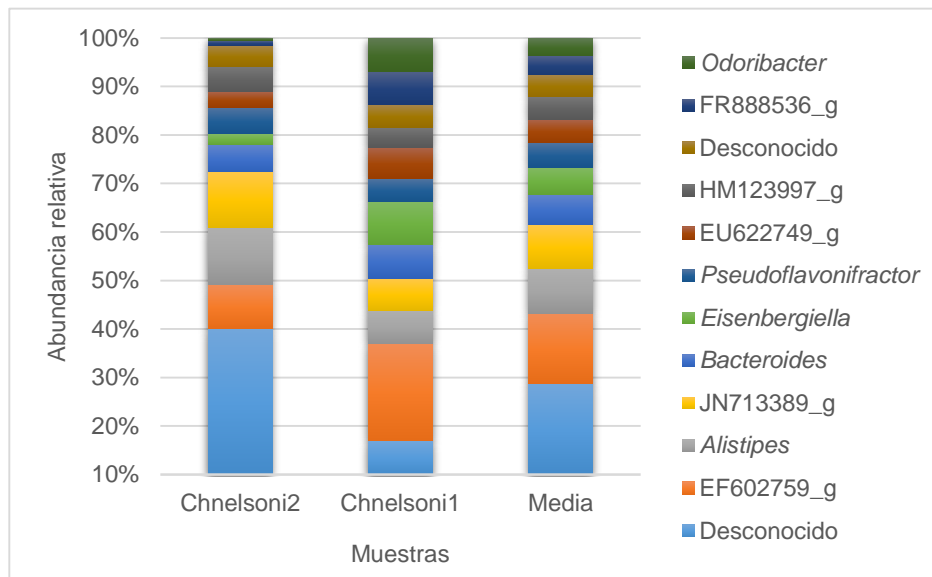
Se reportaron 230 géneros donde los más abundantes fueron Género desconocido de S24-7\_f ( $\bar{x}$ =18.7%), EF602759\_g ( $\bar{x}$ =9.5%), *Alistipes* ( $\bar{x}$ =6.1%), JN713389\_g ( $\bar{x}$ =6.0%) y *Bacteroides* ( $\bar{x}$ =4.1%) (Figura 69). Se contabilizaron 267 especies de las cuales el 82% no se conoce, el 16.5% posee nomenclatura clave y solo el 1.5% tiene nombre conocido (*Alistipes inops*, *Bifidobacterium pseudolongum*, *Klebsiella quasipneumoniae*, *Sanguibacteroides justesenii*). Los géneros que se registraron como microbiota núcleo se muestran en la Cuadro 50.



**Figura 67.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de ratón de abazones de Nelson (*Chaetodipus nelsoni*).



**Figura 68.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de ratón de abazones de Nelson (*Chaetodipus nelsoni*).



**Figura 69.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales géneros de bacterias fecales de ratón de abazones de Nelson (*Chaetodipus nelsoni*).

**Cuadro 50.** Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de ratón de abazones de Nelson (*Chaetodipus nelsoni*).

Géneros				
AB009176_g	AY994025_g	EF445272_g	Faecalibacterium	JQ084194_g
AB185816_g	Bacillus	EF602759_g	Faecalibaculum	JQ084490_g
AB198590_g	Bacteroides	EF602946_g	FJ367735_g	KE159538_g
AB218327_g	BBZZ_g	EF604613_g	FJ462126_g	KE159571_g
AB239481_g	Bifidobacterium	Eisenbergiella	FJ848448_g	KE159600_g
AB248646_g	Blautia	Enterorhabdus	FJ879347_g	Klebsiella
AB377176_g	Butyricococcus	Escherichia	FJ880395_g	Lachnospira
AB491207_g	Butyricimonas	EU006213_g	FJ880767_g	Lactonifactor
AB506319_g	Caproiciproducens	EU234093_g	FJ880859_g	LARJ_g
AB606237_g	Cellulosilyticum	EU259405_g	FJ881160_g	LLKB_g
AB606282_g	Christensenella	EU381695_g	FJ951890_g	Marvinbryantia
AB606326_g	Clostridium_g12	EU381776_g	FR888536_g	Natranaerovirga
AB626912_g	Clostridium_g21	EU381783_g	GQ175418_g	Olsenella
AB626934_g	Clostridium_g24	EU457152_g	GQ422712_g	Oscillibacter
Acetatifactor	Clostridium_g27	EU457907_g	GQ448104_g	Oxalobacter
Acetitomaculum	Clostridium_g7	EU504948_g	GU174097_g	Prevotella
Acinetobacter	Clostridium_g8	EU509117_g	GU174103_g	Pseudoflavonifactor
Adlercreutzia	Collinsella	EU622749_g	GU302849_g	Rhizobium
AF018558_g	Coprococcus_g2	EU622770_g	GU324367_g	Roseburia
Agathobacter	DQ353904_g	EU791023_g	GU324393_g	Ruminococcus
AJ400239_g	DQ815350_g	EU842486_g	HM123979_g	Ruminococcus_g4
AJ576336_g	DQ815871_g	EU844075_g	HM124151_g	Sanguibacteroides
Akkermansia	EF400272_g	EU844456_g	HM124244_g	Sporobacter
Alistipes	EF402988_g	EU845632_g	HM124247_g	Streptococcus
Allobaculum	EF404038_g	Eubacterium_g17	HM124260_g	Streptomyces
AM277985_g	EF404387_g	Eubacterium_g20	HM124337_g	Subdoligranulum
Anaerotruncus	EF404788_g	Eubacterium_g23	Hungatella	Syntrophococcus
AY305316_g	EF406589_g	Eubacterium_g4	JN162687_g	Syntrophomonas
AY854276_g	EF406773_g	Eubacterium_g6	JN713389_g	
AY994025_g	EF406806_g	Eubacterium_g8	JPZU_g	

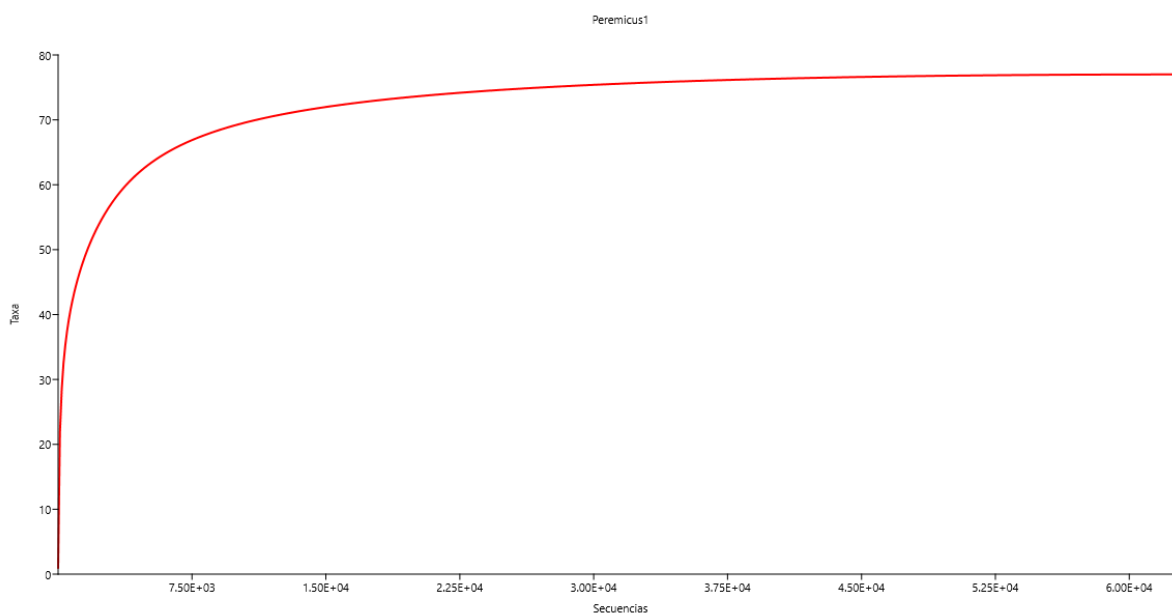
Con base en los resultados, se determinaron tres géneros de bacterias que, según la literatura disponible, son organismos patógenos o zoonóticos en roedores (Cuadro 51).

**Cuadro 51.** Prevalencia (%) de géneros bacterianos potencialmente patógenos y zoonóticos registrados en muestras fecales de ratón de abazones de Nelson (*Chaetodipus nelsoni*).

Género y especie	Gram	Potencial	(%)	Referencia
<i>Brucella</i>	-	Patógeno/zoonótico	50	Meyer, 1976; Zheludkov y Tsirelson, 2010. Alvarez-Hernández <i>et al.</i> , 2015
<i>Campylobacter</i>	-	Patógeno/zoonótico	50	Meerburg <i>et al.</i> , 2006; Meerburg y Kijlstra, 2007
<i>Streptococcus</i>	+	Patógeno	100	Bell <i>et al.</i> , 1958

### 6.13 Ratón de cactus (*Peromyscus eremicus*)

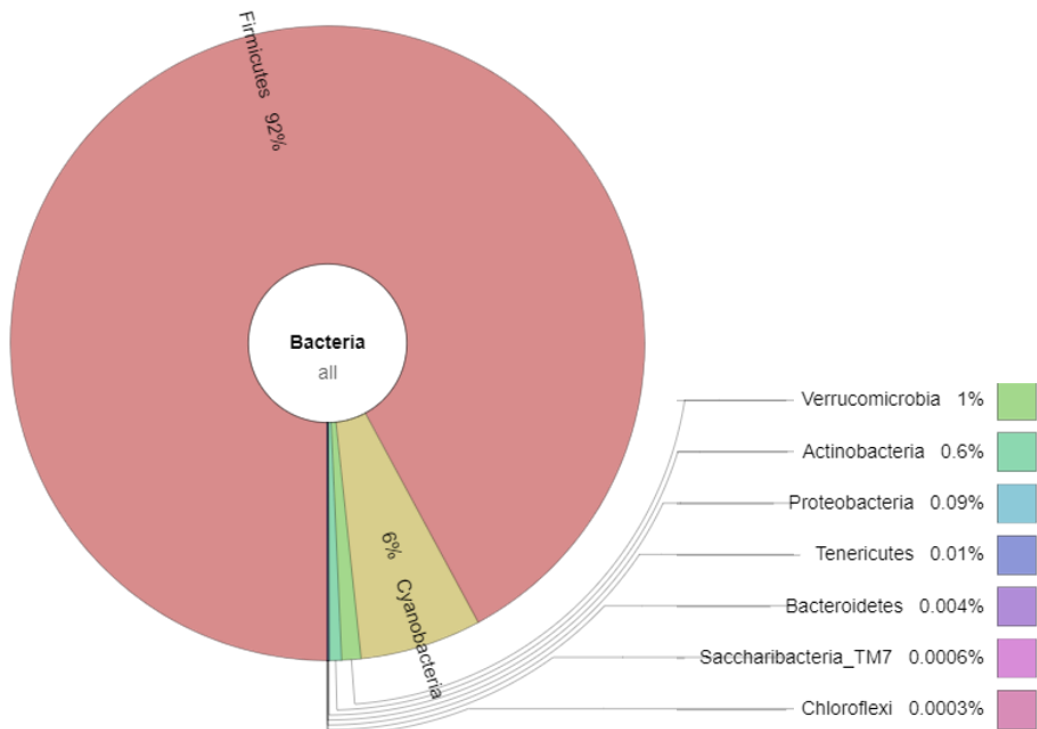
Se presentan resultados para muestra fecal de ratón de cactus. El número total de secuencias obtenidas antes del ensamblaje fue de 143,991, las secuencias ensambladas fueron 96,925 y las secuencias desechadas fueron 47,066; se eliminaron 3,883 quimeras, dejando 93,042 secuencias de calidad. Tras la asignación taxonómica, se obtuvieron 88,567 secuencias bacterianas que después de eliminar los singletons fueron 63,131. Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de la muestra, ya que la curva alcanzó la asíntota cerca de las 22,500 secuencias (Figura 70). El índice de diversidad de Shannon fue de 9.9 y de Simpson fue de 0.97



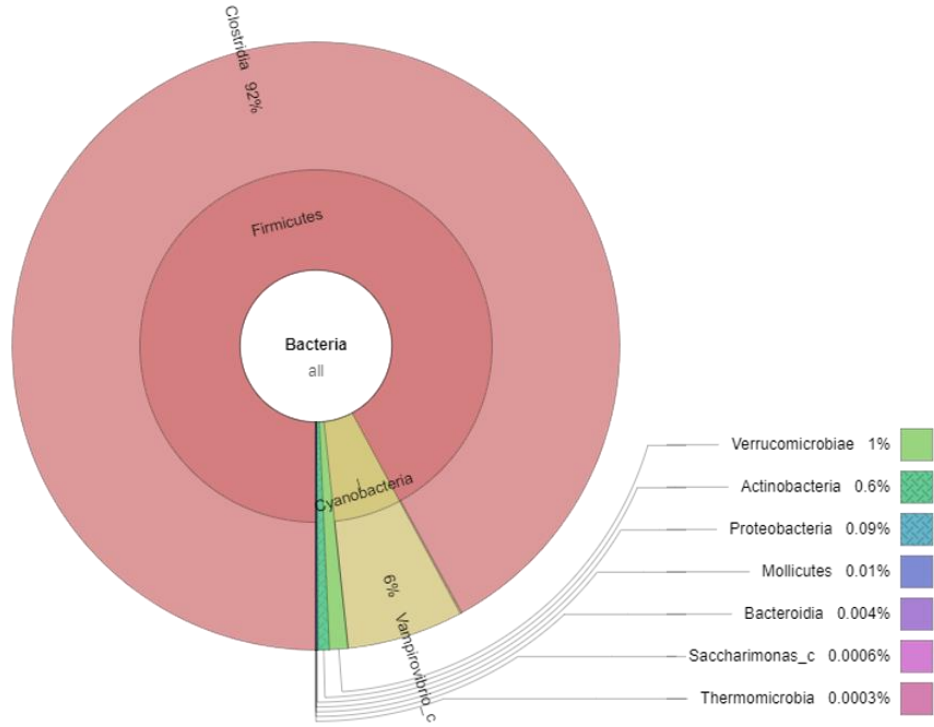
**Figura 70.** Número de secuencias por el número de OTUs de la muestra de ratón de cactus (*Peromyscus eremicus*) sin rarificar.

Se registraron seis phyla, de los cuales Firmicutes (94.6%), Proteobacteria (3.2%), Tenericutes (1.2%), Saccharibacteria\_TM7 (0.73%) y Cyanobacteria (0.06%) fueron los más abundantes (Figura 71). Se determinaron siete clases, entre las que Clostridia (94.6%), Epsilonproteobacteria (3.2%), Mollicutes (1.2%), Saccharimonas\_c (0.7%) y Vampirovibrio\_c (0.06%) mostraron los porcentajes más altos (Figura 72). Se obtuvieron siete órdenes de los cuales Clostridiales fue el más

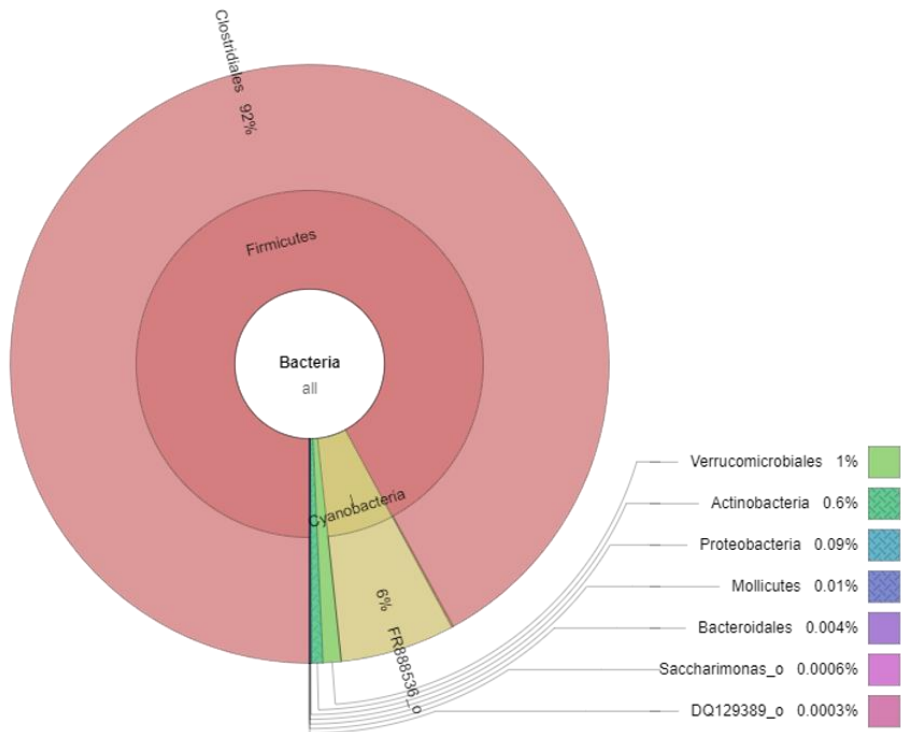
abundante (94.6%), seguido por Camylobacterales (3.2%), Acholeplasmatales (1.2%), Saccharimonas\_o (0.7%) y FR888526\_o (0.06%) (Figura 73). De las 10 familias registradas predominaron Lachnospiraceae (64.4%), Ruminococcaceae (21.2%), Christenellaceae (8.9%), Helicobacteraceae (3.2%) y Acholeplasmataceae (1.2%) (Figura 74). Se reportaron 78 géneros (Figura 75) donde los más abundantes fueron *Eisenbergiella* (31.1%), género desconocido de Lachnospiraceae (16.8%), *Pseudoflavonifactor* (12.7%), HM124260\_g (5.2%) y *Oscillibacter* (4.2%). Se determinaron 79 especies, de las cuales el 97.4% no se conoce y 2.6% posee nomenclatura clave.



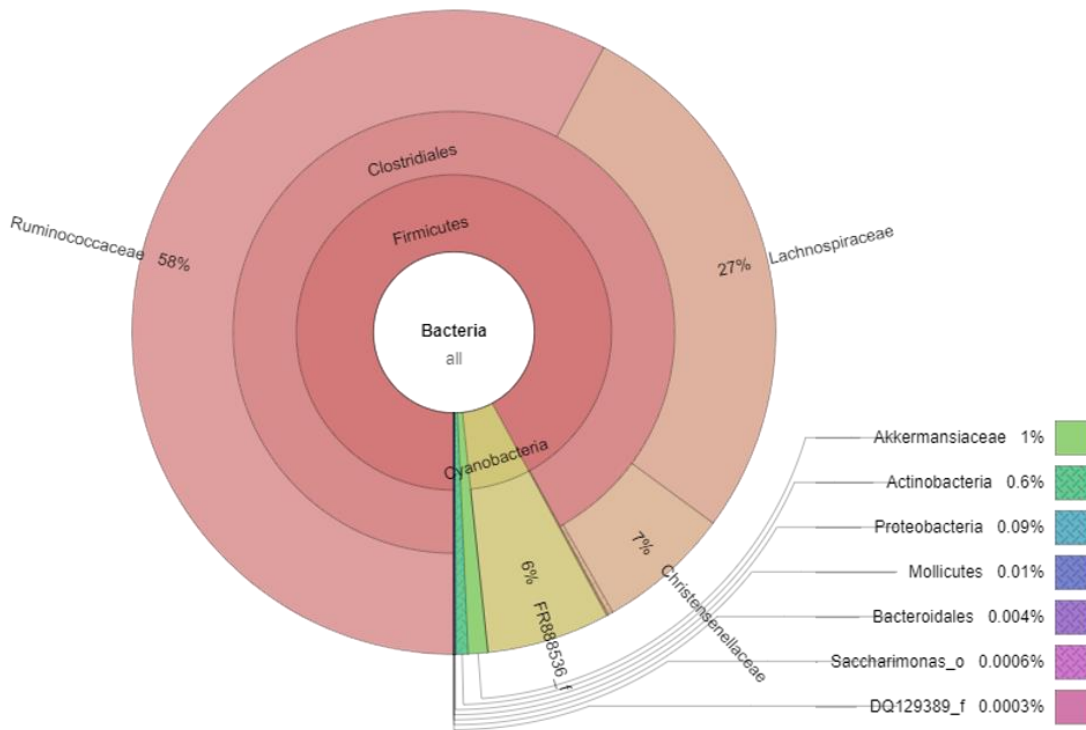
**Figura 71.** Abundancia relativa (%) de los principales phyla de bacterias fecales de ratón de cactus (*Peromyscus eremicus*).



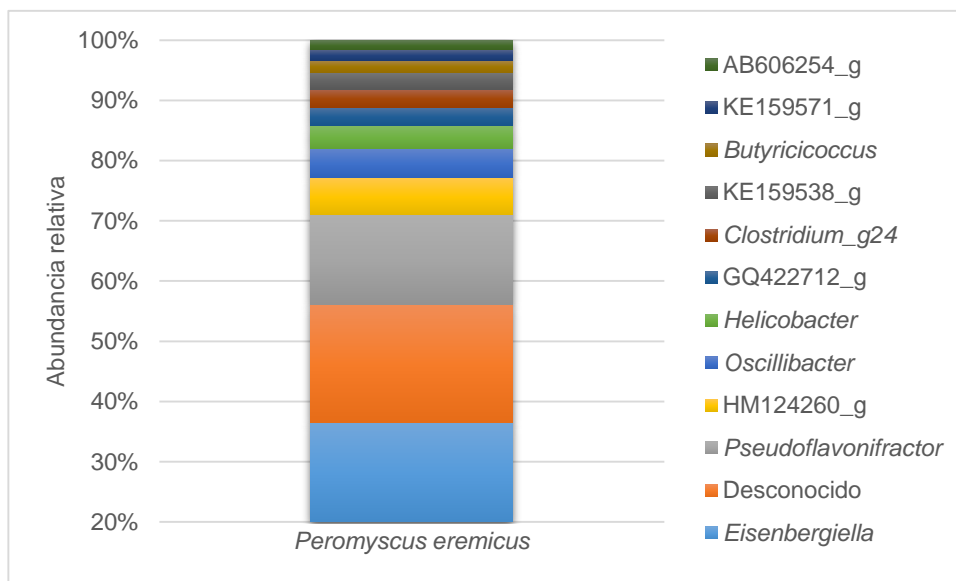
**Figura 72.** Abundancia relativa (%) de las principales clases de bacterias fecales de ratón de cactus (*Peromyscus eremicus*).



**Figura 73.** Abundancia relativa (%) de los principales órdenes de bacterias fecales de ratón de cactus (*Peromyscus eremicus*).



**Figura 74.** Abundancia relativa (%) de las principales familias de bacterias fecales de ratón de cactus (*Peromyscus eremicus*).



**Figura 75.** Abundancia relativa (%) de los principales géneros de bacterias fecales de ratón de cactus (*Peromyscus eremicus*).

## 6.14 Rata magueyera (*Neotoma albigula*)

Se presentan resultados para muestras fecales de tres individuos adultos de rata magueyera. La media del número total de secuencias obtenidas para las muestras antes del ensamblaje fue de 191,104, la media de secuencias ensambladas fue de 168,898 y la media de secuencias desechadas fue 22,206; en promedio se eliminaron 2,275 quimeras, dejando una media de secuencias de calidad de 166,044. Tras la asignación taxonómica, se obtuvo una media de secuencias bacterianas de 146,676 que después de eliminar los singletons fue de 124,885 (Cuadro 52). Se registró una profundidad de cobertura adecuada en cuanto al número de OTUs bacterianos de las muestras, ya que todas las curvas alcanzaron la asíntota a partir de 75,000 secuencias; el proceso de rarefacción se realizó a 110,000 secuencias (Figura 76). La media del índice de diversidad de Shannon fue de 7.0 y de Simpson fue de 0.96 (Cuadro 53).

**Cuadro 52.** Número de secuencias bacterianas fecales obtenidas para cada individuo de rata magueyera (*Neotoma albigula*).

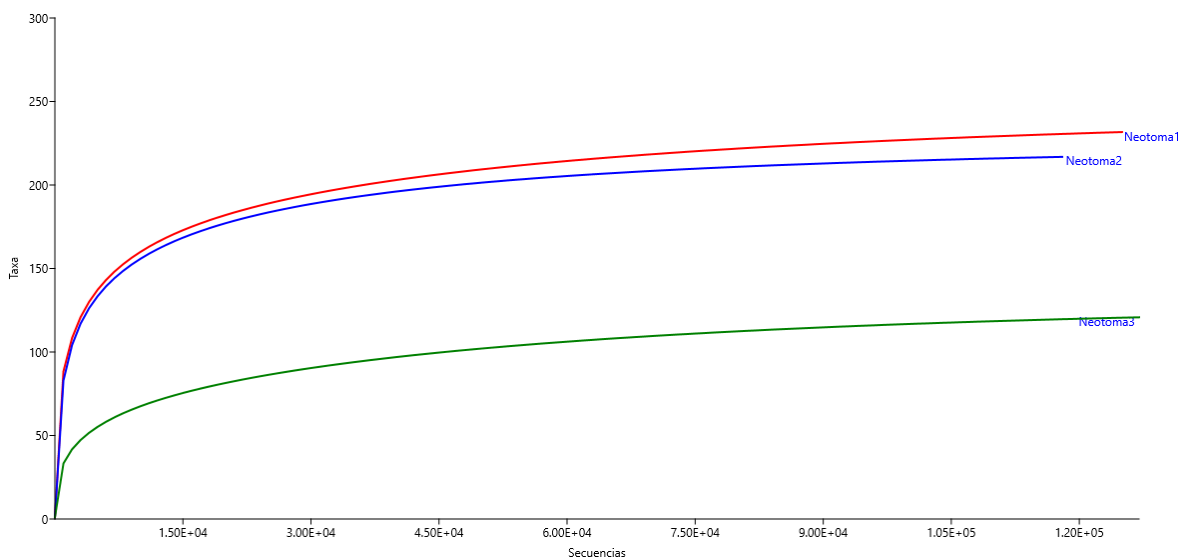
Individuo	Totales	Ensambladas	Desechadas	QE	SC	SB	SBSS
1	209,262	197,879	11,383	2,160	195,136	156,939	126,835
2	172,079	163,497	8,582	2,353	160,606	143,573	119,186
3	191,972	145,318	46,654	2,313	142,390	139,516	128,634
Media	191 104	168 898	22 206	2 275	166 044	146 676	124 885

<sup>1</sup>Ensamblas, <sup>2</sup>Desechadas, <sup>3</sup>QE: quimeras eliminadas, <sup>4</sup>SC: secuencias de calidad después de la eliminación de quimeras, <sup>5</sup>SB: secuencias bacterianas después de la asignación taxonómica, <sup>6</sup>SBSS: secuencias bacterianas después de la eliminación de los singletons.

**Cuadro 53.** Índices de diversidad alfa para cada muestra fecal de rata magueyera (*Neotoma albigula*).

Muestra	Índice Shannon	Índice Simpson
1	7.9	0.99
2	7.5	0.98
3	5.5	0.92
Media	7.0	0.96



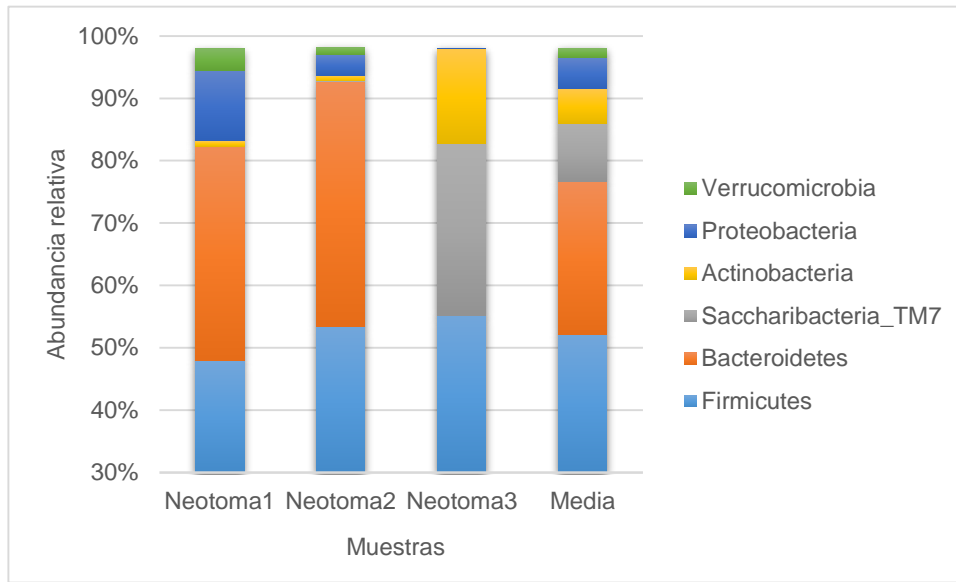


**Figura 76.** Número de secuencias por el número de OTUs para cada muestra de rata magueyera (*Neotoma albigula*) sin rarificar.

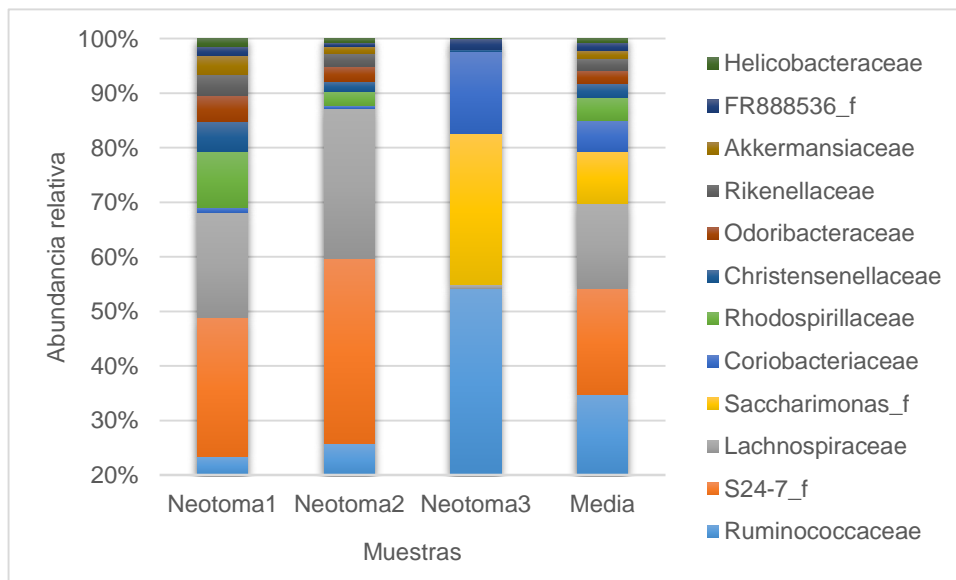
Se registraron 11 phyla, de los cuales Firmicutes ( $\bar{x}$ =52.1%), Bacteroidetes ( $\bar{x}$ =24.6%), Saccharibacteria\_TM7 ( $\bar{x}$ =9.2%), Actinobacteria ( $\bar{x}$ =5.6%) y Proteobacteria ( $\bar{x}$ =4.9%) fueron los más abundantes (Figura 77). Se determinaron 24 clases, entre las que Clostridia ( $\bar{x}$ =51.5%), Bacteroidia ( $\bar{x}$ =24.6%), Saccharimonas\_c ( $\bar{x}$ =9.2%), Coriobacteriia ( $\bar{x}$ =5.4%) y Alphaproteobacteria ( $\bar{x}$ =4.1%) mostrando los porcentajes más altos. Se obtuvieron 36 órdenes, siendo Clostridiales ( $\bar{x}$ =51.5%), Bacteroidales ( $\bar{x}$ =24.6%), Sacharimonas\_o ( $\bar{x}$ =9.2%), Coriobacteriales ( $\bar{x}$ =5.5%) y Rhodospirillales ( $\bar{x}$ =4.0%) los dominantes. De las 66 familias registradas predominaron Ruminococcaceae ( $\bar{x}$ = 33.5%), S24-7\_f ( $\bar{x}$ =18.6%), Lachnospiraceae ( $\bar{x}$ =15.3%), Saccharimonas\_f ( $\bar{x}$ =9.2%) y Coriobacteriaceae ( $\bar{x}$ =5.4%) (Figura 78).

Se reportaron 270 géneros donde los más abundantes fueron AJ400239 ( $\bar{x}$ =9.2%), *Ruminococcus* ( $\bar{x}$ =8.6%), JN713389\_g ( $\bar{x}$ =8.2%), género desconocido de S24-7\_f ( $\bar{x}$ =7.4%) y EU504948\_g ( $\bar{x}$ =4.2%). El mapa de calor de los géneros cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01% se muestra en la figura 79. Se contabilizaron 306 especies las cuales el 85.6% no se conoce, el 13.1% posee nomenclatura clave y solo el 1.3% tiene nombre conocido (*Actinobacillus equuli*, *Bacillus subtilis*,

*Bifidobacterium pseudolongum*, *Sanguibacteroides justesenii*). Los géneros que se registraron como microbiota núcleo se muestran en la Cuadro 54. Con base en los resultados, se determinaron dos géneros de bacterias que, según la literatura disponible, son organismos patógenos o zoonóticos en roedores (Cuadro 55).



**Figura 77.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de los principales phyla de bacterias fecales de rata magueyera (*Neotoma albigula*).



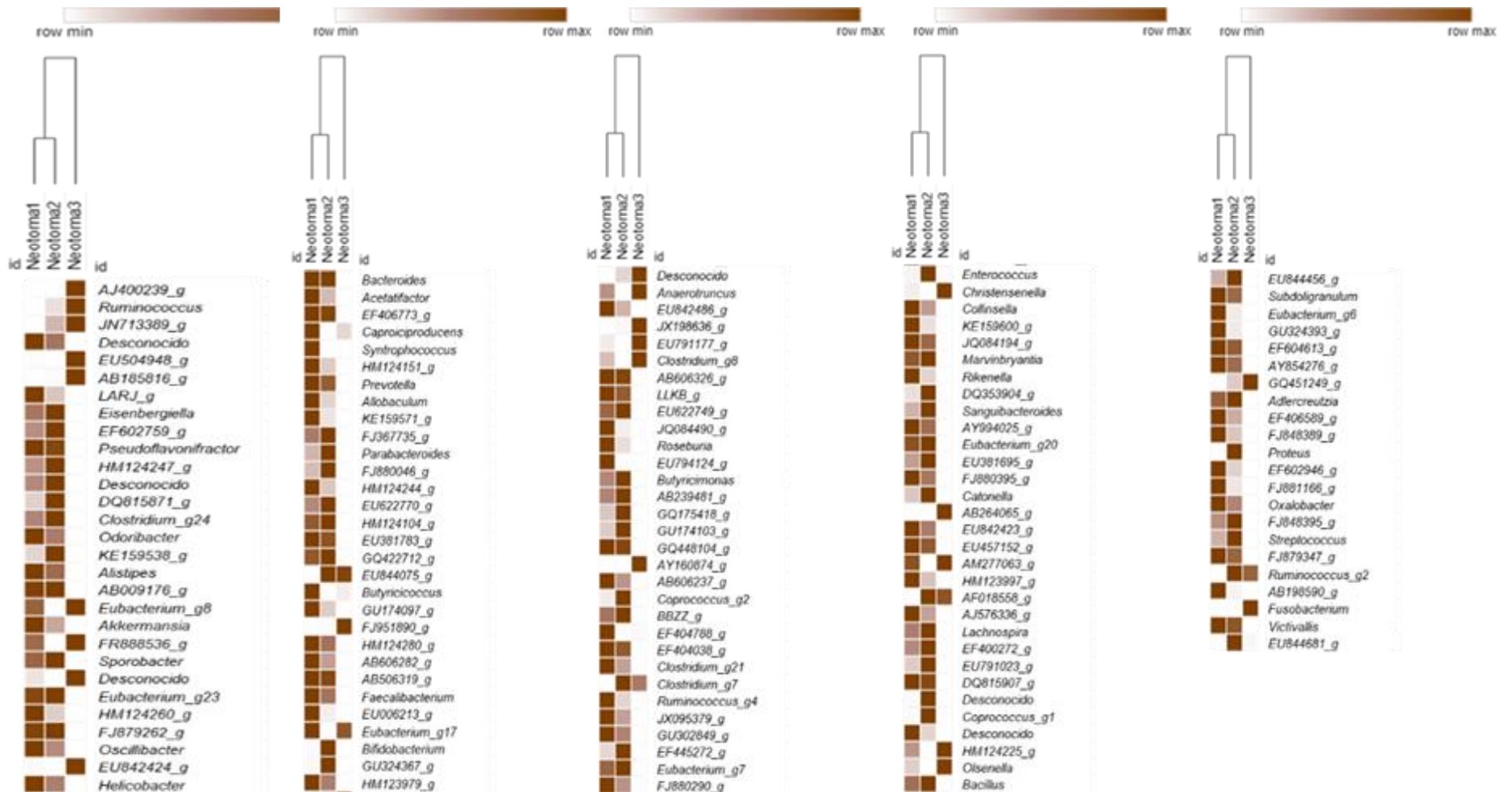
**Figura 78.** Abundancia relativa (%) individual y promedio de las principales familias de bacterias fecales de rata magueyera (*Neotoma albigula*).

**Cuadro 54.** Géneros de bacterias fecales que conformaron la microbiota núcleo de rata magueyera (*Neotoma albigula*).

Género			
<i>AB009176_g</i>	<i>Clostridium_g24</i>	<i>Eubacterium_g8</i>	<i>KE159538_g</i>
<i>AB185816_g</i>	<i>Clostridium_g7</i>	<i>FJ881166_g</i>	<i>KE159600_g</i>
<i>AB198590_g</i>	<i>Collinsella</i>	<i>FJ951890_g</i>	<i>Lachnospira</i>
<i>AB239481_g</i>	<i>Coprococcus_g2</i>	<i>FR888536_g</i>	<i>LARJ_g</i>
<i>AB606282_g</i>	<i>EF404387_g</i>	<i>GQ175418_g</i>	<i>LLKB_g</i>
<i>Acetatifactor</i>	<i>EF404788_g</i>	<i>GQ422712_g</i>	<i>Microvirga</i>
<i>AJ400239_g</i>	<i>EF602946_g</i>	<i>GU302849_g</i>	<i>Oscillibacter</i>
<i>Akkermansia</i>	<i>Eisenbergiella</i>	<i>Helicobacter</i>	<i>Pseudoflavonifractor</i>
<i>AM277063_g</i>	<i>EU381783_g</i>	<i>HM123979_g</i>	<i>Roseburia</i>
<i>Anaerotruncus</i>	<i>EU465635_g</i>	<i>HM124015_g</i>	<i>Ruminococcus</i>
<i>AY994025_g</i>	<i>EU504948_g</i>	<i>HM124151_g</i>	<i>Ruminococcus_g4</i>
<i>BBZZ_g</i>	<i>EU504948_g</i>	<i>HM124244_g</i>	<i>Sporobacter</i>
<i>Butyricoccus</i>	<i>EU844075_g</i>	<i>HM124260_g</i>	
<i>Caproiciproducens</i>	<i>EU844456_g</i>	<i>JN713389_g</i>	
<i>Christensenella</i>	<i>Eubacterium_g17</i>	<i>JQ084194_g</i>	
<i>Clostridium_g18</i>	<i>Eubacterium_g23</i>	<i>JX198636_g</i>	

**Cuadro 55.** Prevalencia (%) de géneros bacterianos potencialmente patógenos en muestras fecales de rata magueyera (*Neotoma albigula*).

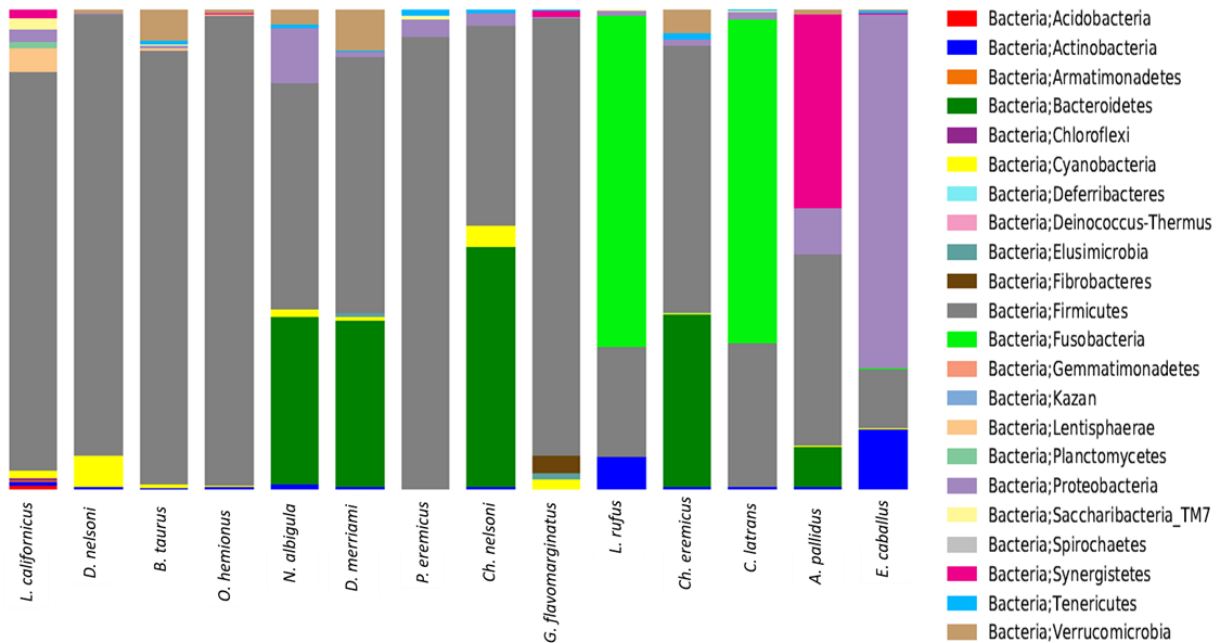
Género y especie	Gram	Potencial	(%)	Referencia
<i>Corynebacterium</i>	+	Patógeno	66.6	Yeruham <i>et al.</i> 1996; Díaz. 2013.
<i>Streptococcus</i>	+	Patógeno	66.6	Bell <i>et al</i> , 1958



**Figura 79.** Mapa de calor de los géneros bacterianos fecales de rata magüeyera (*Neotoma albigula*), cuya abundancia relativa fue mayor a 0.01%.

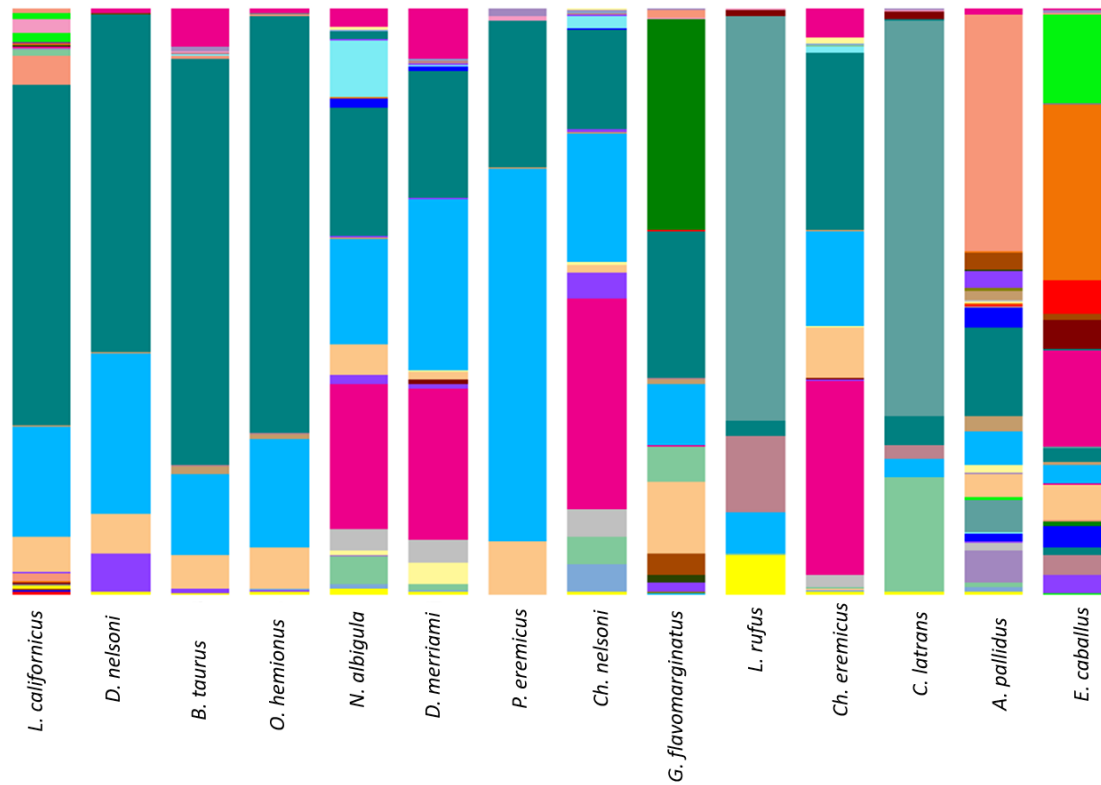
## 6.15 Comparación de la composición de la microbiota bacteriana fecal entre vertebrados

En la figura 80, se observa la abundancia relativa a nivel phylum de todas las especies bacterianas fecales de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí considerados en el presente estudio.



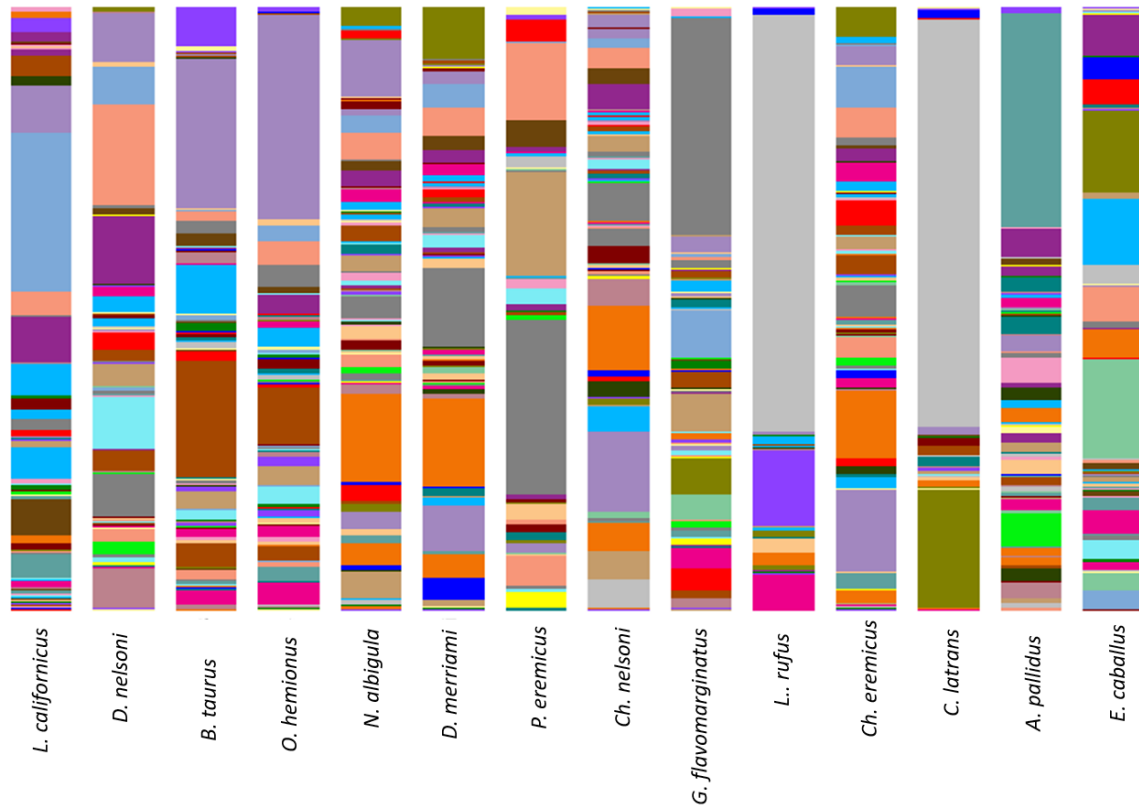
**Figura 80.** Abundancia relativa a nivel phylum de todas las especies bacterianas fecales de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí considerados en el presente estudio.

En la figura 81, se observa la abundancia relativa a nivel familia de todas las especies bacterianas fecales de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí considerados en el presente estudio, donde se representa Ruminococcaceae (verde azul), Clostridiaceae (azul claro) y S24-7\_f (rosa) de manera abundante.



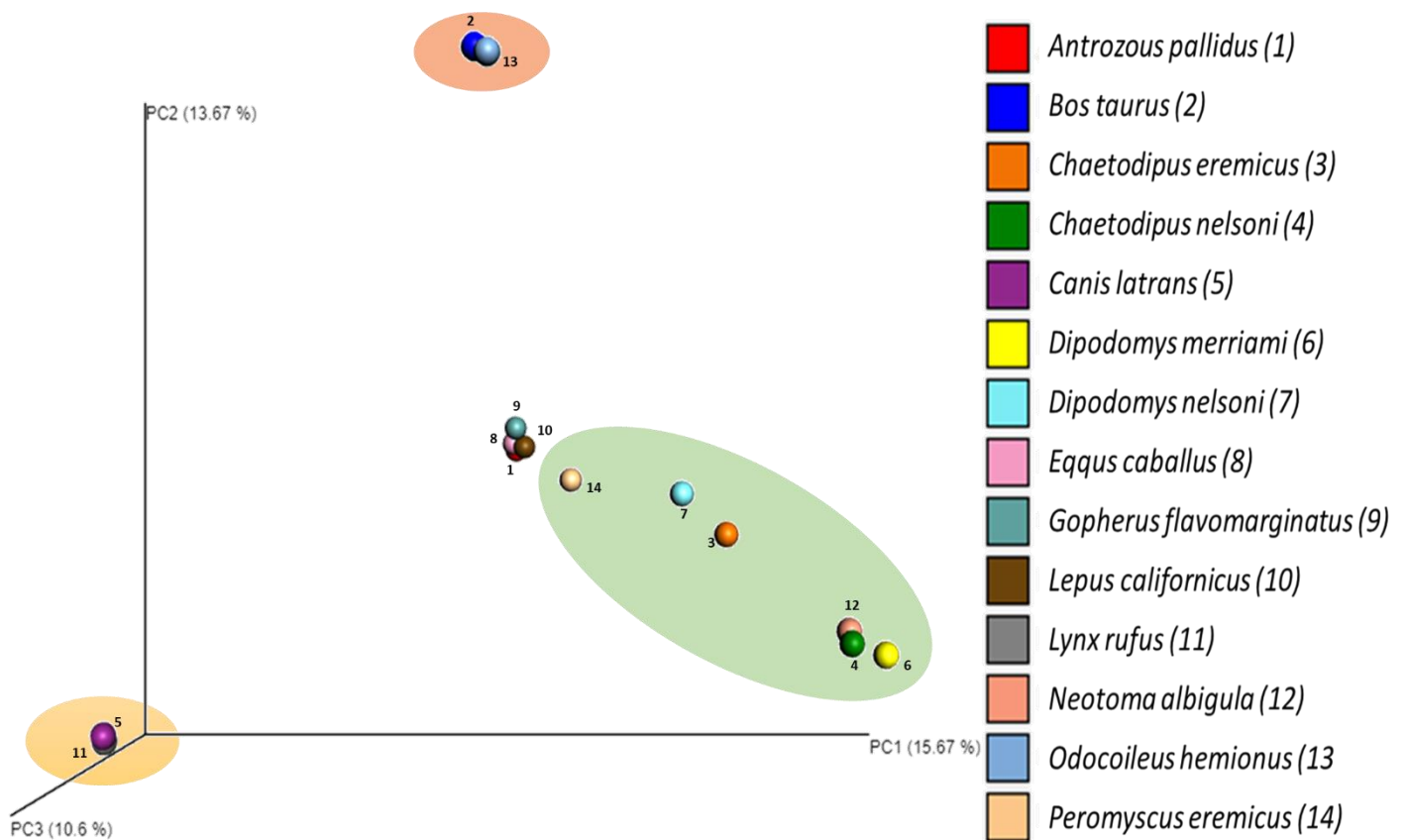
**Figura 81.** Abundancia relativa a nivel familia de todas las especies bacterianas fecales de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí considerados en el presente estudio.

En la figura 82, se observa la variabilidad de abundancia relativa a nivel género de todas las especies bacterianas fecales de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí considerados en el presente estudio



**Figura 82.** Abundancia relativa a nivel género de todas las especies bacterianas fecales de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí considerados en el presente estudio.

Según los resultados de la matriz de diversidad beta de Bray-Curtis, existe una diferencia significativa entre los vertebrados considerados con respecto a su composición de microbiota bacteriana fecal. Esto fue evidente en el gráfico de PCoA (Figura 83) dónde es posible visualizar segregación entre el grupo de carnívoros (*C. latrans* y *L. rufus*) (amarillo), el grupo de los rumiantes (*B. taurus* y *O. hemionus*), el grupo de los roedores (*P. eremicus*, *D. nelsoni*, *Ch. eremicus*, *D. merriami*, *N. albigula* y *Ch. nelsoni*) y un grupo diverso (*L. californicus*, *G. flavomarginatus*, *E. caballus* y *A. pallidus*).



**Figura 83.** Análisis de coordenadas principales (PCoA) de las secuencias bacterianas fecales de los vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí considerados en el presente estudio.



## VII. DISCUSIÓN

Se observaron diferencias en la abundancia y diversidad de bacterias fecales entre especies de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí. El conjunto de secuencias bacterianas analizadas de este estudio proporciona una visión general de la microbiota fecal de la comunidad de vertebrados silvestres y domésticos presentes en la Reserva de la Biosfera Mapimí. Se detectó que el phylum Firmicutes estuvo presente de manera abundante (60.2%) en todas las muestras; este phylum ha sido reportado en otras especies de vertebrados similares o distintas a las de este estudio (Ley *et al.*, 2005; Ley *et al.*, 2008a; Gruninger *et al.*, 2016; Pacheco-Torres *et al.*, 2019). El phylum Bacteroidetes fue el segundo más abundante en todas las secuencias (12.4%); este phylum se encuentra asociado al contenido luminal en animales incluyendo al hombre (Ley *et al.*, 2005; Nava *et al.*, 2011).

La microbiota de los carnívoros (coyote y gato montés) estuvo representada por los phyla Fusobacteria (68% para ambos) y Firmicutes (26.6 y 23.6% respectivamente), ya reportados con anterioridad (Nelson *et al.*, 2013; Roggenbuck *et al.*, 2014). En los herbívoros rumiantes (Vaca y Venado), los phyla Firmicutes y Verrucomicrobia representaron la mayor abundancia de las secuencias (88.5%-6.4% y 97.7%-1.1% respectivamente); estos phyla se han documentado como parte de la microbiota fecal de ganado bovino y herbívoros domésticos (Rudi *et al.*, 2012; O' Donnell *et al.*, 2017) y recientemente como parte del microbioma fecal de cérvidos (Li *et al.*, 2018b).

En el caso de los herbívoros no rumiantes como el caballo, el phylum Proteobacteria fue el más abundante (72%), el cual está asociado a la dieta del hospedero (Shepherd *et al.*, 2012); para la tortuga y la liebre negra, el phylum abundante fue Firmicutes (86.3 y 92.2%) y el segundo más abundante en liebre fue Synergistetes (4.14%), este último no ha sido reportado con anterioridad como parte de la microbiota fecal de lagomorfos, lo que representa un primer reporte para esta especie y esta zona. Para la tortuga del Bolsón el segundo más abundante fue el phylum Cyanobacteria (2.6%), mismo reportados por García-De la Peña *et al.*, (2019a).

El murciélago pálido mostró una abundancia de los phyla Firmicutes (46.2%) y Proteobacteria (24.7%), los cuales han sido reportados por Dietrich *et al.*, (2017) en murciélagos insectívoros y Vengust *et al.*, (2018) en 12 especies diferentes de murciélagos en Eslovenia.

En el caso de los roedores, *D. merriami* y *D. nelsoni* presentaron el phylum de los Firmicutes como el más abundante en sus muestras (52.5% y 40.8% respectivamente), esto mismo ha sido reportado por Pacheco-Torres *et al.*, (2018). El phylum Bacteroidetes fue el segundo más abundante en las muestras de *D. merriami* (40.8%), mientras que para *D. nelsoni*, Cyanobacteria ocupó este lugar (6.2%). Los ratones de abazones (*Ch. eremicus* y *Ch. nelsoni*), mostraron una abundancia muy similar donde Bacteroidetes (53.2% y 54.5% respectivamente) y Firmicutes (39.4% y 37.5% respectivamente) fueron los phyla más abundantes.

El ratón de cactus (*P. eremicus*) presentó el phylum Firmicutes de manera abundante (94.6%), seguido por Proteobacteria (3.2%), mientras que la rata magueyera (*N. albigula*) presentó el phylum Firmicutes con una abundancia de 52.1% seguido por el phylum Bacteroidetes (24.6%); estos phyla fueron reportados por Miller *et al.*, (2014) en esta especie como los más abundantes de la microbiota fecal por choque inducido por oxalato. A partir de estos resultados se identificaron diferencias en la composición bacteriana de las especies de vertebrados tanto silvestres como en el ganado bovino y equino. Según diversos estudios, estas diferencias en la biodiversidad de los microbiomas intestinales entre vertebrados, se encuentra estrechamente relacionado con su filogenia, dieta, fisiología y ecología ya que se trata de factores dominantes asociados a ésta (Ley *et al.*, 2008a; McFall-Ngai *et al.*, 2013; Maurice *et al.*, 2015; Brooks *et al.*, 2016; Colston y Jackson, 2016).

Con base en la literatura disponible, se reporta la presencia de 24 géneros y 7 especies bacterianas que poseen algún grado de potencial zoonótico o patógeno en 11 de las especies de vertebrados; sin embargo, el conocimiento para algunos otros grupos aún es incierto debido a la falta de investigación. El mayor número de estos géneros se encontraron en los grupos de los roedores, murciélagos, equinos y bovinos, los cuales son organismos considerados vectores o transmisores de enfermedades.

Los resultados del análisis de coordenadas principales (PCoA), mostraron agrupamiento de las especies de vertebrados según su tipo de dieta, en el cual se formaron cuatro grupos separados en roedores nocturnos, rumiantes, carnívoros y un grupo mixto entre estos. La coordenada principal 1 (PC1) separa el grupo de los roedores nocturnos de los carnívoros y los herbívoros rumiantes, dejando un grupo variado entre estos (caballo, tortuga, murciélago y liebre). Estos resultados respaldan una asociación entre la membresía de la comunidad microbiana y la dieta de cada vertebrado (Ley *et al.*, 2008a).

Se ha documentado que la microbiota de los carnívoros suele ser menos diversa en comparación con el grupo de los herbívoros, mientras que la microbiota de los omnívoros suele ser intermedia entre ambos grupos (Ley *et al.*, 2008a). En esta investigación, los resultados obtenidos permiten corroborar esta información, ya que las muestras de coyote y gato montés presentaron menor cantidad de phyla a comparación de la microbiota del grupo de los herbívoros incluyendo los herbívoros rumiantes y los no rumiantes (caballo y tortuga) que también es posible analizarlos en los índices de diversidad alfa obtenidos. En particular, los carnívoros de este estudio formaron un grupo distinto debido a su alta abundancia relativa de Fusobacterias, las cuales han sido reportadas por otros autores en especies de carnívoros del mundo. Sin embargo, su funcionalidad dentro del intestino de estos aún es desconocida, aunque la mayoría de las especies están relacionadas a la degradación de proteínas (Colston y Jackson, 2016).

El grupo de los vertebrados herbívoros mostró en el PCoA una diferencia de comunidades bacterianas fecales entre los fermentadores del intestino anterior (vaca y venado) y fermentadores del intestino posterior (caballo), donde sus configuraciones microbianas están relacionadas con sus estructuras intestinales. En los herbívoros rumiantes, es muy probable que la microbiota sea digerida después de la fermentación, mientras que, en animales como el caballo, es probable que los microbios fermentativos se excreten en las heces (Ley *et al.*, 2008a).

La microbiota fecal del caballo, murciélago, tortuga y liebre se agruparon formando un grupo mixto entre los carnívoros y los herbívoros rumiantes. Las especies dentro de este grupo, con excepción de los murciélagos, también

suelen alimentarse de plantas, sin embargo, su fisiología digestiva tiende a ser diferente al del ganado bovino y los cérvidos (Steven y Hume, 2004). Aunque el murciélago basa su dieta en insectos y pequeños roedores, esta observación podría sugerir que albergan linajes involucrados en la descomposición de una dieta basada en plantas (Ley *et al.*, 2008a). Estas diferencias se han relacionado con las presiones selectivas de los entornos intestinales de las especies de vertebrados, siendo los límites espaciales los promotores de la diversidad beta entre las microbiotas fecales de estos (Moeller *et al.*, 2017).

Con los avances en la biología molecular, como la secuenciación de próxima generación, es posible abordar de manera específica la composición bacteriana fecal de cualquier vertebrado. Sin embargo, la mayor parte de las investigaciones se centran en organismos modelo o en cautiverio por su fácil acceso, esto representa un serio problema, ya que las condiciones controladas alteran la composición de la microbiota, por lo que probablemente no representa la variación natural de las especies o poblaciones (Delsuc *et al.*, 2014; Delport *et al.*, 2016). Por lo anterior, se debe considerar la pérdida de la diversidad bacteriana de la microbiota de un individuo como amenaza para las poblaciones silvestres.

El conocimiento de la composición bacteriana fecal de los vertebrados silvestres o domésticos asociados a éstos, permite generar métodos para enfrentar desafíos de conservación de especies vulnerables y planear medidas sobre los efectos indeseables causados por las perturbaciones antropogénicas o climáticas en estas zonas que afecten la fisiología y la salud de los organismos. En el mismo sentido, con dicha información se puede analizar la transmisión de la microbiota bacteriana entre especies nativas y no nativas estrechamente relacionadas o con dietas similares (Ley *et al.*, 2008a).

## VIII. CONCLUSIONES

Esta investigación muestra por primera vez la estructura de la comunidad microbiana fecal de especies de vertebrados en la RBM.

Se observaron diferencias en la abundancia y diversidad de bacterias fecales entre especies de vertebrados de la Reserva de la Biosfera Mapimí.

El phylum Firmicutes estuvo presente en todas las muestras de los vertebrados con una abundancia de 60% del total de todas las secuencias.

Se registró la presencia de 24 géneros y siete especies bacterianas patógenas y/o zoonóticas en algunas especies de los vertebrados estudiados.

Las muestras de coyote y gato montés presentaron menor cantidad de phyla en comparación de la microbiota del grupo de los herbívoros incluyendo los herbívoros rumiantes y los no rumiantes (caballo y tortuga).

El análisis de coordenadas principales (PCoA) mostró separación de las especies con base en su composición y tipo de dieta conformando cuatro grupos: roedores nocturnos, carnívoros (coyote y gato montés), herbívoros rumiantes (vaca y venado bura) y un grupo mixto (caballo, liebre, murciélago y tortuga del bolsón).

Las diferencias y similitudes registradas obedecen, de manera general, al proceso evolutivo de adaptación fisiológica digestiva de estas especies en este hábitat particular.

Estos resultados constituyen una línea base de conocimiento para investigadores, veterinarios y tomadores de decisiones para monitorear la salud digestiva de estas especies de vertebrados contribuyendo a su conservación.

## XI. LITERATURA CITADA

- Abdelrhman, K. F., Bacci, G., Mancusi, C., Mengoni, A., Serena, F. y Ugolini, A. (2016). A first insight into the gut microbiota of the sea turtle *Caretta caretta*. *Frontiers in microbiology*, 7, 1060.
- Acha, P. N. y Szyfres, B. (2001). Parte I: Bacteriosis. Corinebacteriosis. In: Zoonosis y enfermedades transmisibles comunes al hombre ya los animales. vol. 1- Bacteriosis y micosis. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 43(6), 86-89
- Acke, E. (2018). Campylobacteriosis in dogs and cats: a review. *New Zealand veterinary journal*, 66(5), 221-228.
- Adest, G., Aguirre, L. G., Morafka, D. y Jarchow, J. V. 1989. Bolson tortoise (*Gopherus flavomarginatus*) conservation: II. Husbandry and reintroduction. *Vida Silvestre Neotropical*. 2(1): 14-20.
- ADW. (2014). Cricetidae: New world rats and mice, voles, hamsters and relatives. Animal Diversity Web. Museum of Zoology, University of Michigan. Obtenido de <https://animaldiversity.org/accounts/Cricetidae/#01c00b99e74214797035c1ac5b09eb1d> (Acceso 22 de noviembre de 2019).
- Aguirre, G. (1995). Conservation of the Bolson tortoise, *Gopherus flavomarginatus*. Publicación de la *Sociedad Herpetológica Mexicana*, 2, 6-9.
- Ahasan, M. S., Waltzek, T. B., Huerlimann, R. y Ariel, E. (2017). Fecal bacterial communities of wild-captured and stranded green turtles (*Chelonia mydas*) on the Great Barrier Reef. *FEMS microbiology ecology*, 93(12), fix139.
- Álvarez-Castañeda, Sergio Ticul y Álvarez, Ticul y Gonzánlez-Ruiz, Noe. (2015). Keys to the mammals of Mexico, Southern United States and Northern Central America. Guía para la identificación de los mamíferos de México. *Centro de Investigaciones Biológicas del Noreste, S. C. y Asociación Mexicana de Mastozoología, A. C.*, ISBN: 978-607-7634-15-7.
- Álvarez-Hernández, N. E., Díaz Flores, M. y Ortiz Reynoso, M. (2015). Brucelosis, una zoonosis frecuente. *Medicina e Investigación*; 3(2):129-133.
- Álvarez-Romero, J. y Medellín, R. A. (2005<sup>a</sup>). *Equus caballus*. Vertebrados superiores exóticos en México: diversidad, distribución y efectos potenciales. Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México. Bases de datos SNIB-CONABIO. Proyecto U020. México. D.F.
- Álvarez-Romero, J. y Medellín, R. A. (2005<sup>b</sup>). *Bos taurus*. Vertebrados superiores exóticos en México: Diversidad, distribución y efectos potenciales. Instituto de Ecología, Universidad Nacional Autónoma de México. Bases de datos SNIB-CONABIO. Proyecto U020. México. D.F.
- Amato, K. R. (2013). Co-evolution in context: the importance of studying gut microbiomes in wild animals. *Microbiome Science and Medicine*, 1(1).
- An, C., Okamoto, Y., Xu, S., EO, K. Y., Kimura, J. y Yamamoto, N. (2016). Comparison of fecal microbiota of three captive carnivore species inhabiting Korea. *Journal of Veterinary Medical Science*, 16-0472.
- Andelt, W. F. (1985). Behavioral ecology of coyotes in south Texas. *Wildlife Monographs*, 3-45.

- Anderson, A. E., Snyder, W. A. y Brown, G. W. (1965). Stomach content analyses related to condition in mule deer, Guadalupe Mountains, New Mexico. *The Journal of Wildlife Management*, 352-366.
- Andrade-Ponce, G. P., Jiménez-Ramírez, J. S., Montañó-Salazar, S. M. y Riveros-Loaiza, L. M. (2015). Generalidades del orden Carnívora. Suárez-Castro, AF y Ramírez-Chaves (editores). Los carnívoros terrestres y semiacuáticos continentales de Colombia. Guía de campo, 23-25.
- Aragón E. E. (2006). *Dipodomys nelsoni*. En Los Mamíferos Silvestres de México. Cevallos G. y Oliva G. Coordinadores. CONABIO y Fondo de Cultura Económica. Pp 618-619
- Aragón, E. E. y A. Garza. (1999). Actualización de los mamíferos silvestres de la Reserva de la Biosfera de Mapimí. *Acta Científica Potosina* 14(1): 7-25.
- Aragón, P. E. E., Muñiz-Martínez, R., y Garza, H. A. (2012). Roedores del Estado de Durango, México. Estudios sobre la biología de roedores silvestres mexicanos, 165-183.
- Aranda, M. (2000). Huellas y otros rastros de mamíferos grandes y medianos de México. Instituto de Ecología, A.C. Xalapa, México. 212 p.p.
- Aranda, M., O. Rosas, J. J. Ríos y N. García. (2002). Análisis Comparativo de la Alimentación del Gato montés (*Lynx rufus*) En dos diferentes Ambientes de México. *Acta Zoológica Mexicana*. (n.s.) 87: 99-109.
- Aranda-Sánchez, J. M. (2012). Manual para el rastreo de mamíferos silvestres en México (No. 599 A7.).
- Arenskötter, M., Bröker, D. y Steinbüchel, A. (2004). Biology of the metabolically diverse genus *Gordonia*. *Applied Environmental Microbiology*. 70(6), 3195-3204.
- Armstrong, D. M. (1972). Distribution of mammals in Colorado. *Museum of Natural History*. University of Kansas, 3:1-415.
- Arnold, J. W., Roach, J. y Azcarate-Peril, M. A. (2016). Emerging technologies for gut microbiome research. *Trends in microbiology*, 24(11), 887-901.
- Ashford, D. A., Whitney, E., Raghunathan, P. y Cosivi, O. (2001). Epidemiology of selected mycobacteria that infect humans and other animals. *Revue scientifique et technique* (International Office of Epizootics), 20(1), 325-337.
- Avena, C. V., Parfrey, L. W., Leff, J. W., Archer, H. M., Frick, W. F., Langwig, K. E., ... y McKenzie, V. J. (2016). Deconstructing the bat skin microbiome: influences of the host and the environment. *Frontiers in microbiology*, 7, 1753.
- Bahrndorff, S., Alemu, T., Alemneh, T. y Lund Nielsen, J. (2016). The microbiome of animals: implications for conservation biology. *International journal of genomics*, 2016.
- Bai, Y., Osinubi, M. O., Osikowicz, L., McKee, C., Vora, N. M., Rizzo, M. R., ... y Kia, G. S. (2018). Human exposure to novel *Bartonella* species from contact with fruit bats. *Emerging infectious diseases*, 24(12), 2317.
- Bailey, G. D., y Love, D. N. (1991). Oral associated bacterial infection in horses: studies on the normal anaerobic flora from the pharyngeal tonsillar surface and its association with lower respiratory tract and paraoral infections. *Veterinary microbiology*, 26(4), 367-379.
- Bailey, T. N. (1974). Social organization in a bobcat population. *Journal of Wildlife Management*, 38: 435-446.
- Bailey, V. (1905). Biological survey of Texas North America. *Fauna*, 25, 1-222.

- Barbour, R. W. y Davis, W. H. (1969). *Bats of America*, Lexington University Press of Kentucky. 286.
- Barea-Azcón, J. M., Virgós, E., Ballesteros-Duperon, E., Moleón, M. y Chiroso, M. (2006). Surveying carnivores at large spatial scales: a comparison of four broad-applied methods. In *Vertebrate Conservation and Biodiversity* (pp. 387-404). Springer, Dordrecht.
- Barral, H. (1988). El hombre y su impacto en los ecosistemas a través del ganado. Estudio integrado de los recursos vegetación, suelo y agua en la Reserva de la Biosfera de Mapimí, I. Ambiente natural y humano, C. Montana (ed.). Instituto de Ecología, AC México, DF, 241-268.
- Barraza-Guerrero, S., García-De la Peña, C., Villa-Vázquez, K.N., Vaca-Paniagua, F., Díaz-Velásquez, C., Salas-Westphal, A.I., Ávila-Rodríguez, V. y Valenzuela-Núñez, L. (Julio de 2017). Microbiota bacteriana fecal del coyote (*Canis latrans*) por secuenciación 16S rRNA en la Reserva de la Biosfera Mapimí, México. En 66th WDA Annual International Conference, Sth Kalaan Kab International Congress on Disease Ecology and 3rd Conference of the WDA Latin America Section, congreso llevado a cabo en San Cristóbal de Las Casas, Chiapas, México.
- Batteiger, B. E. (2012). *Chlamydia* infection and epidemiology. In *Intracellular Pathogens I: Chlamydiales American Society of Microbiology*. Pp. 1-26.
- Beals, E.W. (1984). Bray-Curtis ordination: an effective strategy for analysis of multivariate ecological data. *Advances in Ecological Research* 14:1–55.
- Bekoff, M. (1977). *Canis latrans*. *Mammalian species*, (79), 1-9.
- Bell, G. P. (1982). Behavioral and ecological aspects of gleaning by a desert insectivorous bat *Antrozous pallidus* (Chiroptera: Vespertilionidae). *Behavioral ecology and sociobiology*, 10(3), 217-223.
- Bell, J. F., Owen, C. R. y Jellison, W. L. (1958). Group A streptococcus infections in wild rodents. *Journal of Infectious Diseases*, 103(2), 196-203.
- Benejat, L., Gravet, A., Sifré, E., Ben Amor, S., Quintard, B., Mégraud, F. y Lehours, P. (2014). Characterization of a *Campylobacter fetus*-like strain isolated from the faeces of a sick leopard tortoise (*Stigmochelys pardalis*) using matrix-assisted laser desorption/ionization time of flight as an alternative to bacterial 16S rDNA phylogeny. *Letters in applied microbiology*, 58(4), 338-343.
- Best, T. L. (1988). *Dipodomys nelsoni*. *Mammalian species*, (326), 1-4.
- Best, T. L. (1994). *Chaetodipus nelsoni*. *Mammalian species*, (484), 1-6.
- Blair, W. F. (1940). A contribution to the ecology and faunal relationships of the mammals of the Davis Mountain region, southwestern Texas.
- Blair, W. F. (1943). Ecological distribution of mammals in the Tularosa Basin, New Mexico. Laboratory, University of Michigan.
- Blair, W. F. (1949). The Mammals of the Sierra Vieja Region: Southwestern Texas, with Remarks on the Biogeographic Position of the Region. *Texas Academy of Science*.
- Blair, W. F. (1954). A melanistic race of the white-throated packrat (*Neotoma albigula*) in Texas. *Journal of Mammalogy*, 35(2), 239-242.
- Bleich, A., Kirsch, P., Sahly, H., Fahey, J., Smoczek, A., Hedrich, H. J. y Sundberg, J. P. (2008). *Klebsiella oxytoca*: opportunistic infections in laboratory rodents. *Laboratory animals*, 42(3), 369-375.



- Boeer, W. J. y Schmidly, D. J. (1977). Terrestrial mammals of the riparian corridor in Big Bend National Park [USA]. USDA Forest Service General Technical Report RM (USA).
- Boice, R. y Boice, C. (1968). Water intake following capture and deprivation in southwestern rodents. *Psychonomic Science*, 12(3), 104-104.
- Boice, R. (1969). Water intake as a function of ease of access in *Neotoma*. *Journal of Mammalogy*, 50(3), 605-607.
- Bonachea, H. (2013). Género *Campylobacter*. En: Martínez, A., Díaz, E., Argote, E. y Peñate, O. *Bacteriología veterinaria*. Consejo Científico Veterinario y Sociedad Cubana de Microbiología Veterinaria. Habana, Cuba. Pp.288-294.
- Borel, N., Polkinghorne, A. y Pospischil, A. (2018). A review on chlamydial diseases in animals: still a challenge for pathologists?. *Veterinary pathology*, 55(3), 374-390.
- Borenshtein, D., Nambiar, P. R., Groff, E. B., Fox, J. G. y Schauer, D. B. (2007). Development of fatal colitis in FVB mice infected with *Citrobacter rodentium*. *Infection and immunity*, 75(7), 3271-3281.
- Bouladoux, N., Harrison, O. J. y Belkaid, Y. (2017). The mouse model of infection with *Citrobacter rodentium*. *Current protocols in immunology*, 119(1), 19-15.
- Bradley, W. G. y Mauer, R. A. (1973). Rodents of a creosote bush community in southern Nevada. *Southwestern Naturalist*. 17:333-344
- Brise, S., Passet, V. y Grimont, P. A. (2014). Description of *Klebsiella quasipneumoniae* sp. nov., isolated from human infections, with two subspecies, *Klebsiella quasipneumoniae* subsp. *quasipneumoniae* subsp. nov. and *Klebsiella quasipneumoniae* subsp. *similipneumoniae* subsp. nov., and demonstration that *Klebsiella singaporensis* is a junior heterotypic synonym of *Klebsiella variicola*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 64(9), 3146-3152.
- Brooks, A. W., Kohl, K. D., Brucker, R. M., van Opstal, E. J. y Bordenstein, S. R. (2016). Phyllosymbiosis: relationships and functional effects of microbial communities across host evolutionary history. *PLoS biology*, 14(11), e2000225.
- Brooks, S.P., McAllister M., Sandoz M. y Kalmokoff M.L. (2003). Culture independent phylogenetic analysis of the faecal flora of the rat. *Canadian Journal of Microbiology*. 49:589-601.
- Brown, J. H. (1968). Adaptation to environmental temperature in two species of woodrats, *Neotoma cinerea* and *N. albigula*. Miscellaneous publications. Museum of Zoology, University of Michigan, 135.
- Brown, K., Church, D., Lynch, T. y Gregson, D. (2014). Bloodstream infections due to *Peptoniphilus spp.*: report of 15 cases. *Clinical Microbiology and Infection*, 20(11), O857-O860.
- Brown-Elliott, B. A., Brown, J. M., Conville, P. S. y Wallace, R. J. (2006). Clinical and laboratory features of the *Nocardia* spp. based on current molecular taxonomy. *Clinical microbiology reviews*, 19(2), 259-282.
- Caire, W. (1978). Distribution and zoogeography of the mammals of Sonora, Mexico. Ph.D. dissertation, University of New Mexico, Albuquerque. 613 pp
- Callaway, T. R., Dowd, S. E., Edrington, T. S., Anderson, R. C., Krueger, N., Bauer, N., ... y Nisbet, D. J. (2010). Evaluation of bacterial diversity in the rumen and feces of cattle fed different levels of dried distillers grains plus solubles using bacterial tag-encoded FLX amplicon pyrosequencing. *Journal of animal science*, 88(12), 3977-3983.

- Camponovo, R. y García, P. (2006). *Rhodococcus equi*. *Revista chilena de infectología*, 23(2), 155-156.
- Caporaso, J. G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F. D., Costello, E. K. ... y Knight, R. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature Methods*, 7(5), 335–336.
- Cavanagh, R., Begon, M., Bennett, M., Ergon, T., Graham, I. M., de Haas, P. E., ... y Roholl, P. (2002). *Mycobacterium microti* infection (vole tuberculosis) in wild rodent populations. *Journal of Clinical Microbiology*, 40(9), 3281-3285.
- Ceballos, G. y Galindo, C. (1984). Mamíferos silvestres de la cuenca de México. Editorial Limusa/Instituto de Ecología, México, D.F. 299 p
- Cervantes, F. A., y Barrera, C. B. (Eds.). (2012). Estudios sobre la biología de roedores silvestres mexicanos. Ciudad de México, México: Universidad Nacional Autónoma de México.
- Ciuoderis-Aponte, K. A. y Ochoa-Amaya, J. E. (2010). Lesiones tuberculoideas y neumonía piogranulomatosa en un Chigüiro (*Hydrocharis hydrochaeris*). *Orinoquia*, 14(1), 126-135.
- Cláudio, V. C., Gonzalez, I., Barbosa, G., Rocha, V., Moratelli, R. y Rassy, F. (2018). Bacteria richness and antibiotic-resistance in bats from a protected area in the Atlantic Forest of Southeastern Brazil. *PLoS one*, 13(9), e0203411.
- Colston, T. J. y Jackson, C. R. (2016). Microbiome evolution along divergent branches of the vertebrate tree of life: what is known and unknown. *Molecular Ecology*, 25(16), 3776–3800.
- CONANP (2006). Programa de Conservación y Manejo Reserva de la Biosfera Mapimí, México. 1ª Edición: marzo de 2006.
- Condas, L. A. Z., Ribeiro, M. G., Olivo, G., Franco, M. M. J., Gonoï, T., Matsuzawa, T., ... y Borges, A. S. (2015). *Nocardia nova* identification in a transtracheal wash of a horse with recurrent airway obstruction. *Archivos de Medicina Veterinaria*, 47(2).
- Conrads, G., Citron, D. M., Mutters, R., Jang, S. y Goldstein, E. J. (2004). *Fusobacterium canifelinum* sp. nov., from the oral cavity of cats and dogs. *Systematic and applied microbiology*, 27(4), 407-413.
- Costa, M. C., Arroyo, L. G., Allen-Vercoe, E., Stämpfli, H. R., Kim, P. T., Sturgeon, A., y Weese, J. S. (2012). Comparison of the fecal microbiota of healthy horses and horses with colitis by high throughput sequencing of the V3-V5 region of the 16S rRNA gene. *PLoS one*, 7(7), e41484.
- Costello, E. K., Gordon, J. I., Secor, S. M. y Knight, R. (2010). Postprandial remodeling of the gut microbiota in Burmese pythons. *The ISME journal*, 4(11), 1375.
- Costello, E. K., Lauber, C. L., Hamady, M., Fierer, N., Gordon, J. I. y Knight, R. (2009). Bacterial community variation in human body habitats across space and time. *Science*, 326(5960), 1694-1697.
- Dalquest, W. E. (1951). Mammals of the Mexican state of San Luis Potosi. Louisiana State University Studies, *Biol. Sci. Ser.* 1:1-229.
- Davies, J., Poulsen, L., Schulte-Herbrüggen, B., Mackinnon, K., Crawhall, N., Henwood, W. D., ... y Gudka, M. (2012). Conservación de la Biodiversidad de las Tierras Áridas. IUCN: Gland, Switzerland, 84.
- Davis, W. B. y Schmidly, D. J. 1994. The mammals of Texas. Texas Parks and Wildlife: Nongame and Urban Program, Austin

- Debebe, T., Biagi, E., Soverini, M., Holtze, S., Hildebrandt, T. B., Birkemeyer, C., ... y König, B. (2017). Unraveling the gut microbiome of the long-lived naked mole-rat. *Scientific reports*, 7(1), 9590.
- Delgado, M. L., Singh, P., Funk, J. A., Moore, J. A., Cannell, E. M., Kanefsky, J., ... y Scribner, K. T. (2017). Intestinal microbial community dynamics of white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*) in an agroecosystem. *Microbial ecology*, 74(2), 496-506.
- Delibes, M., Blázquez, M. C. Rodríguez-Estrella, R. y Zapata, S. C. (1997). Seasonal food habits of bobcats (*Lynx rufus*) in subtropical Baja California Sur, México. *Canadian Journal of Zoology*. 75(3), 478-483.
- Delport, T. C., Power, M. L., Harcourt, R.G., Webster, K. N. y Tetu, S. G. (2016). Colony Location and Captivity Influence the Gut Microbial Community Composition of the Australian Sea Lion (*Neophoca cinerea*). *Applied and Environmental Microbiology*.;82(12):3440–3449.
- Delsuc, F., Metcalf, J. L., Wegener Parfrey, L., Song, S. J., González, A. y Knight, R. (2014). Convergence of gut microbiomes in myrmecophagous mammals. *Molecular ecology*, 23(6), 1301-1317.
- Desai, A.R., Musil K.M., Carr A.P. y Hill J.E. (2009). Characterization and quantification of feline fecal microbiota using cpn60 sequence-based methods and investigation of animal to animal variation in microbial population structure. *Veterinary Microbiology* 137: 120–128.
- Diab, S. S., Songer, G. y Uzal, F. A. (2013). Clostridium difficile infection in horses: a review. *Veterinary microbiology*, 167(1-2), 42-49.
- Díaz Peromingo, J. A., Sánchez Leira, J., García Suárez, F., Padín Paz, E. y Saborido Froján, J. (2006). *Streptococcus constellatus*: agente etiológico asociado en empiema pleural. *Revista médica de Chile*, 134(8), 1030-1032.
- Díaz, E.A. (2013). Bastones irregulares gram positivos no esporulados. Género *Corynebacterium*. En: Martínez, A., Díaz, E., Argote, E. y Peñate, O. *Bacteriología veterinaria*. Consejo Científico Veterinario y Sociedad Cubana de Microbiología Veterinaria. Habana, Cuba. Pp.400-407.
- Dietrich, M., Kearney, T., Seamark, E. C. y Markotter, W. (2017). The excreted microbiota of bats: evidence of niche specialisation based on multiple body habitats. *FEMS microbiology letters*, 364(1).
- Dorsch, M., Lovet, D. N. y Bailey, G. D. (2001). *Fusobacterium equinum* sp. nov., from the oral cavity of horses. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 51(6), 1959-1963.
- Drzewiecka, D. (2016). Significance and roles of *Proteus spp.* bacteria in natural environments. *Microbial ecology*, 72(4), 741-758.
- Durso, L. M., Harhay, G. P., Smith, T. P., Bono, J. L., DeSantis, T. Z., Harhay, D. M., ... y Clawson, M. L. (2010). Animal-to-animal variation in fecal microbial diversity among beef cattle. *Applied and Environmental Microbiology*, 76(14), 4858-4862.
- Dyer, M. I., Turner, C. L. y Seastedt, T. R. (1993). Herbivory and its consequences. *Ecological Applications*, 3(1), 10-16
- Eckburg, P. B., Bik, E. M., Bernstein, C. N., Purdom, E., Dethlefsen, L., Sargent, M., ... y Relman, D. A. (2005). Diversity of the human intestinal microbial flora. *Science*, 308(5728), 1635-1638.
- Edgar, R.C. (2010). Search and clustering orders of magnitude faster than BLAST. *Bioinformatics*. Vol. 26 no. 19, pp. 2460–2461

- Elizalde-Arellano, C., López-Vidal, J. C., Hernández, L., Landré, J. W. y F. M. Morales-Mejía. (2014a). Bases para el monitoreo de dos especies de carnívoros medianos en la Reserva de la Biosfera de Mapimí, Durango. Instituto Politécnico Nacional, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas. Guía de mamíferos de la Reserva de la Biosfera de Mapimí SNIB-CONABIO, proyecto GT022. México. D.F.
- Elizalde-Arellano, C., López-Vidal, J. C., Hernández-García, L., Landré, J. W., Cervantes-Reza, F., Morales-Mejía, F. M., ... y Alonso-Spilsbury, M. (2014b). Registro de presencia y actividades de algunos mamíferos en el Desierto Chihuahuense, México. *Therya*, 5(3), 793-816.
- Elliott, S. P. (2007). Rat bite fever and *Streptobacillus moniliformis*. *Clinical microbiology reviews*, 20(1), 13-22.
- Ericsson, A. C., Gagliardi, J., Bouhan, D., Spollen, W. G., Givan, S. A. y Franklin, C. L. (2018). The influence of caging, bedding, and diet on the composition of the microbiota in different regions of the mouse gut. *Scientific reports*, 8(1), 4065.
- Eshar, D., Lee, C. y Weese, J. S. (2019). Comparative molecular analysis of fecal microbiota of bobcats (*Lynx rufus*) and domestic cats (*Felis catus*). *Canadian Journal of Veterinary Research*, 83(1), 42-49.
- Espinosa, L. A. y Chávez, T. C. (2005). *Liomys irroratus*. Ratón espinoso. Ceballos, G. y G. Oliva (Coords.) Los Mamíferos Silvestres de México. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad-Fondo de Cultura Económica, México. Ciudad de México, México, 628-629.
- Estell, K. E., Young, A., Kozikowski, T., Swain, E. A., Byrne, B. A., Reilly, C. M., ... y Aleman, M. (2016). Pneumonia Caused by *Klebsiella* spp. in 46 Horses. *Journal of veterinary internal medicine*, 30(1), 314-321.
- Ferreira, M. S., Guterres, A., Rozental, T., Novaes, R. L. M., Vilar, E. M., de Oliveira, R. C., ... y Cordeiro, J. L. P. (2018). *Coxiella* and *Bartonella* spp. in bats (Chiroptera) captured in the Brazilian Atlantic Forest biome. *BMC veterinary research*, 14(1), 279.
- Fields, M. J., Coffin, D. P. y Gosz, J. R. (1999). Burrowing activities of kangaroo rats and patterns in plant species dominance at a shortgrass steppe-desert grassland ecotone. *Journal of Vegetation Science*, 10(1), 123-130.
- Findley, J. S., Harris, A. H., Wilson, D. E., y Jones, C. (1975). Mammals of New Mexico University of New Mexico. Albuquerque, New Mexico.
- Finlayson-Trick, E. C., Getz, L. J., Slaine, P. D., Thornbury, M., Lamoureux, E., Cook, J., ... y Cheng, Z. (2017). Taxonomic differences of gut microbiomes drive cellulolytic enzymatic potential within hind-gut fermenting mammals. *PloS one*, 12(12), e0189404.
- Flux, J. E., y Angermann, R. (1990). The hares and jackrabbits. Rabbits, hares and pikas. *Status survey and conservation action plan*, 4, 61-94.
- Fofanov, V. Y., Furstenau, T. N., Sanchez, D., Hepp, C. M., Cocking, J., Sobek, C., ... y Chambers, C. L. (2018). Guano exposed: Impact of aerobic conditions on bat fecal microbiota. *Ecology and evolution*, 8(11), 5563-5574.
- Fraune, S., y Bosch, T. C. (2010). Why bacteria matter in animal development and evolution. *Bioessays*, 32(7), 571-580.
- Freeman, J. (1974). Competition between two species of woodrats (*Neotoma stephensi* and *Neotoma albigula*). Unpubl. M.S. thesis, Northern Arizona Univ., Flagstaff, 70 pp.

- Gaastra, W., Boot, R., Ho, H. T., y Lipman, L. J. (2009). Rat bite fever. *Veterinary microbiology*, 133(3), 211-228.
- Gaillard, D. L. (2014). Population genetics and microbial communities of the gopher tortoise (*Gopherus polyphemus*). Spring 5. The University of Southern Mississippi.
- García, E. (2004). Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köppen.
- García-De La Peña, C., Garduño-Niño, E., Vaca-Paniagua, F., Díaz-Velásquez, C., Barrows, W. C., Gomez-Gil, B. y Valenzuela-Núñez, L. (2019a). Comparison of the Fecal Bacterial Microbiota Composition Between wild and Captive Bolson tortoises (*Gopherus flavomarginatus*). *Herpetological Conservation and Biology*. 14. 587-600.
- García-De la Peña, C., Rojas-Domínguez, M., Ramírez-Bautista, A., Vaca-Paniagua, F., Díaz-Velásquez, C., Ávila-Rodríguez, V., ... y Meza-Herrera, C. A. (2019b). Microbiota bacteriana oral de la tortuga del Bolsón *Gopherus flavomarginatus* en la Reserva de la Biosfera Mapimí, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 90.
- García-Mazcorro, J.F. y Minamoto, Y. (2013). Gastrointestinal microorganisms in cats and dogs: a brief review. *Archivos de medicina veterinaria*, 45(2): 111-124.
- Gasque, R., Ávila, S., y Blanco, M. A. (1989). Enciclopedia temática pecuaria. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM.
- Godon, J. J., Arulazhagan, P., Steyer, J. P., y Hamelin, J. (2016). Vertebrate bacterial gut diversity: size also matters. *BMC ecology*, 16(1), 12.
- Gohari, I. M., Arroyo, L., MacInnes, J. I., Timoney, J. F., Parreira, V. R., y Prescott, J. F. (2014). Characterization of *Clostridium perfringens* in the feces of adult horses and foals with acute enterocolitis. *Canadian Journal of Veterinary Research*, 78(1), 1-7.
- Gomez, G. L. F., Orozco, S. P. y Salas, S. S. A (2006). Canine and feline helicobacteriosis. *Veterinaria México*, 37(1), 97-116.
- Gordon, H. y Harbord, M. (2014). A patient with severe Crohn's colitis responds to Faecal Microbiota Transplantation. *Journal of Crohn's and Colitis*, 8(3), 256-257.
- Granados-Sánchez, D., Ruíz-Puga, P., y Barrera-Escorcia, H. (2008). Ecología de la herbivoría. *Revista Chapingo. Serie ciencias forestales y del ambiente*, 14(1), 51-63
- Greene, R. A., y Reynard, C. (1932). The influence of two burrowing rodents, *Dipodomys spectabilis spectabilis* (kangaroo rat) and *Neotoma albigula albigula* (pack rat) on desert soils in Arizona. *Ecology*, 13(1), 73-80.
- Grønvold, A. M. R., L'Abée-Lund, T. M., Strand, E., Sørum, H., Yannarell, A. C., y Mackie, R. I. (2010). Fecal microbiota of horses in the clinical setting: potential effects of penicillin and general anesthesia. *Veterinary microbiology*, 145(3-4), 366-372.
- Gruninger, R. J., McAllister, T. A., y Forster, R. J. (2016). Bacterial and archaeal diversity in the gastrointestinal tract of the North American beaver (*Castor canadensis*). *PLoS One*, 11(5), e0156457.
- Guan, Y., Yang, H., Han, S., Feng, L., Wang, T., y Ge, J. (2017). Comparison of the gut microbiota composition between wild and captive sika deer (*Cervus nippon hortulorum*) from feces by high-throughput sequencing. *AMB Express*, 7(1), 212.

- Guarner, F. y Malagelada, J.R. (2003). Gut flora in health and disease. *Lancet*, 361, 512-519.
- Gupta, M. y Oliver, T. I. Rat-bite Fever (*Streptobacillus moniliformis*, Sodoku, *Spirillum Minor*) [Updated 2019 Mar 18]. In: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2019 Jan-. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK448197/>
- Hall E. R. (1981). The mammals of North America. Vol I y II. *Wiley Interscience Publications, John Wiley and Sons, Inc.* Nueva York
- Hammer, Ø., Harper, D. A. T., y Ryan, P. D. (2001). PAST-Palaeontological statistics. [www. uv. es/~ pardomv/pe/2001\\_1/past/pastprog/past. pdf](http://www.uv.es/~pardomv/pe/2001_1/past/pastprog/past.pdf), acessado el, 25(07).
- Han, S., Guan, Y., Dou, H., Yang, H., Yao, M., Ge, J., y Feng, L. (2019). Comparison of the fecal microbiota of two free-ranging Chinese subspecies of the leopard (*Panthera pardus*) using high-throughput sequencing. *PeerJ*, 7, e6684.
- Handl, S., Dowd, S. E., Garcia-Mazcorro, J. F., Steiner, J. M., y Suchodolski, J. S. (2011). Massive parallel 16S rRNA gene pyrosequencing reveals highly diverse fecal bacterial and fungal communities in healthy dogs and cats. *FEMS microbiology ecology*, 76(2), 301-310.
- Harveson, L. A., Ortega-Sanchez, A., Gage, R. T. y alcala-Galván, C. (2014). Venado Bura. En Valdez, R., y Ortega-S, J. A. (.Eds.). *Ecología y manejo de fauna silvestre en México* (No. 591.972 V3.). Editorial del Colegio de Postgraduados. Pp.389-412
- Hatta, Y., Omatsu, T., Tsuchiaka, S., Katayama, Y., Taniguchi, S., Masangkay, J. S., ... y Yoshikawa, Y. (2016). Detection of *Campylobacter jejuni* in rectal swab samples from *Rousettus amplexicaudatus* in the Philippines. *Journal of Veterinary Medical Science*, 78(8), 1347-1350.
- Hazeleger, W. C., Jacobs-Reitsma, W. F., Lina, P. H., De Boer, A. G., Bosch, T., Van Hoek, A. H., y Beumer, R. R. (2018). Wild, insectivorous bats might be carriers of *Campylobacter* spp. *PloS one*, 13(1), e0190647.
- He, F., Liu, D., Zhang, L., Zhai, J., Ma, Y., Xu, Y., ... y Ma, J. (2018). Metagenomic analysis of captive Amur tiger faecal microbiome. *BMC veterinary research*, 14(1), 379
- Heffelfinger, J. R., Brewer, C., Alcala-Galvan, C. H., Hale, B., Weybright, D. L., Wakeling, B. F., ... y Dodd, N. L. (2006). Habitat guidelines for mule deer: Southwest Deserts Ecoregion. Mule Deer Working Group, Western Association of Fish and Wildlife Agencies.
- Helsel, L. O., Hollis, D., Steigerwalt, A. G., Morey, R. E., Jordan, J., Aye, T., ... y Patel, J. B. (2007). Identification of "*Haematobacter*," a new genus of aerobic Gram-negative rods isolated from clinical specimens, and reclassification of *Rhodobacter massiliensis* as "*Haematobacter massiliensis* comb. nov.". *Journal of clinical microbiology*, 45(4), 1238-1243.
- Hermanson, J. W., y O'Shea, T. J. (1983). *Antrozous pallidus*. *Mammalian Species*, (213), 1-8.
- Hernández L., Laundré, J. W., González-Romero, A., Portillo, J. L. y Grajales, K. M. (2011). Tale of two metrics: density and biomass in a desert rodent community. *Journal of Mammalogy*.92:840-851.
- Hernández L., Romero, A. G., Laundré, J. W., Lightfoot, D., Aragón, E. y Portillo, J. L. (2005). Changes in rodent community structure in the Chihuahuan desert México: comparisons between two habitats. *Journal of Arid Environments* 60:239-257

- Hernández, L. y Laundré, J. W. (2014). Coyotes de México. En: Valdez, R., y Ortega-S, J. A. (Eds.). *Ecología y manejo de fauna silvestre en México* (No. 591.972 V3.). Editorial del Colegio de Postgraduados. Pp.289-310.
- Hernández, L., y Delibes, M. (1994). Seasonal food habits of coyotes, *Canis latrans*, in the Bolsón de Mapimí, southern Chihuahuan Desert, Mexico.
- Hernández, L., Barral, H., Halffter, G., y Colón, S. S. (1999). A note on the behavior of feral cattle in the Chihuahuan Desert of Mexico. *Applied Animal Behaviour Science*, 63(4), 259-267.
- Hernández, L., Parmenter, R. R., Dewitt, J. W., Lightfoot, D. C., y Laundré, J. W. (2002). Coyote diets in the Chihuahuan Desert, more evidence for optimal foraging. *Journal of Arid Environments*, 51(4), 613-624.
- Hoffer, M. A. (1981). Bovine campylobacteriosis: a review. *The Canadian Veterinary Journal*, 22(11), 327.
- Hoffmann, R. S., y Smith, A. T. (2005). Order Lagomorpha. Pp. 185-211, in: *Mammals species of the world: A taxonomic and geographic reference* (Wilson, D., y M. Reeder, eds.). The Smithsonian Institution Press. Segunda edición. Smithsonian Institution Press. Washington. 2142 pp.
- Hofmann, R. R. (1989). Evolutionary steps of ecophysiological adaptation and diversification of ruminants: a comparative view of their digestive system. *Oecologia*, 78(4), 443-457.
- Hong, P.-Y., Wheeler, E., Cann, I. K. O., y Mackie, R. I. (2011). Phylogenetic analysis of the fecal microbial community in herbivorous land and marine iguanas of the Galápagos Islands using 16S rRNA-based pyrosequencing. *The ISME Journal*, 5(9), 1461–1470. <http://doi.org/10.1038/ismej.2011.33>
- Höss, M., Kohn, M., Pääbo, S., Knauer, F., y Schröder, W. (1992). Excrement analysis by PCR. *Nature*, 359(6392), 199.
- Hoyt, C. A. (2002). The Chihuahuan Desert. *Endangered Species Bulletin*, 27, 03-06.
- Hu, X., Liu, G., Li, Y., Wei, Y., Lin, S., Liu, S., ... y Hu, D. (2018). High-throughput analysis reveals seasonal variation of the gut microbiota composition within forest musk deer (*Moschus berezovskii*). *Frontiers in microbiology*, 9.
- Huchon, D., Madsen, O., Sibbald, M. J., Ament, K., Stanhope, M. J., et al. (2002) Rodent phylogeny and a timescale for the evolution of Glires: evidence from an extensive taxon sampling using three nuclear genes. *Molecular Biology and Evolution*. 19:1053–1065.
- Hume, E. B., y Willcox, M. D. (2004). Emergence of *Serratia marcescens* as an ocular surface pathogen. *Sociedad Española de Oftalmología*. 79(10):475-477.
- Illumina. (2013). 16S Metagenomic Sequencing Library Preparation (15044223 B). Available from [https://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/chemistry\\_documentation/16s/16s-metagenomic-library-prep-guide-15044223-b.pdf](https://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/chemistry_documentation/16s/16s-metagenomic-library-prep-guide-15044223-b.pdf) [Accessed 15 March 2018].
- Illumina. (2016). Nextera DNA Library Prep Reference Guide (15027987 v01). Available from [https://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/chemistry\\_documentation/samplepreps\\_nextera/nexteradna/nextera-dna-library-prep-reference-guide-15027987-01.pdf](https://support.illumina.com/content/dam/illumina-support/documents/documentation/chemistry_documentation/samplepreps_nextera/nexteradna/nextera-dna-library-prep-reference-guide-15027987-01.pdf) [Accessed 15 March 2018].
- Islam, A., Mikolon, A., Mikoleit, M., Ahmed, D., Khan, S. U., Sharker, M. Y., ...y Luby, S. P. (2013). Isolation of *Salmonella virchow* from a fruit bat (*Pteropus giganteus*). *EcoHealth*, 10(4), 348-351.

- ITIS, *Antrozous pallidus* (LeConte, 1856) recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=180006#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=180006#null)
- ITIS, *Bos Taurus* Linnaeus, 1758 recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=183838#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=183838#null)
- ITIS, *Canis latrans* Say, 1823. recuperado (junio 26, 2019). Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=180599#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=180599#null)
- ITIS, *Chaetodipus eremicus* Mearns, 1898 recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=552489#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=552489#null)
- ITIS, *Chaetodipus nelsoni* Merriami, 1894 recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=552485#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=552485#null)
- ITIS, *Dipodomys merriami* Mearns, 1890 recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=180241#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=180241#null)
- ITIS, *Dipodomys nelsoni* Merriami, 1907 recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=625226#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=625226#null)
- ITIS, *Equus caballus* Linnaeus, 1758 recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=180691#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=180691#null)
- ITIS, *Gopherus flavomarginatus* Legler, 1959 recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=202114#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=202114#null)
- ITIS, *Lepus californicus* Gray, 1837 recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=180115#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=180115#null)
- ITIS, *Lynx rufus* (Schreber, 1777) recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=180582#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=180582#null)
- ITIS, *Neotoma albigula* Hartley, 1894 recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=180370#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=180370#null)



- ITIS, *Odocoileus hemionus* (Rafinesque, 1817) recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=180698#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=180698#null)
- ITIS, *Peromyscus eremicus* (Baird, 1857) recuperado (junio 26, 2019) Integrated Taxonomic Information System on-line database obtenido de [https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSNysearch\\_value=180286#null](https://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSNysearch_value=180286#null)
- Jackson, N. N., Wall, H. G., Miller, C. A., y Rogul, M. (1980). Naturally acquired infections of *Klebsiella pneumoniae* in Wistar rats. *Laboratory animals*, 14(4), 357-361.
- Janzen, D. H. (1982). Seed removal from fallen guanacaste fruits (*Enterolobium cyclocarpum*) by spiny pocket mice (*Liomys salvini*). COPA: Ciencia, Organismos y Programas de ACG. Repositorio Digital del Area de Conservación de Guanacaste. Recuperado el 26 de junio de 2019 <http://copa.acguanacaste.ac.cr:8080/handle/11606/649>
- Johnson, M. K., y Hansen, R. M. (1979). Coyote food habits on the Idaho National Engineering laboratory. *The Journal of Wildlife Management*, 43(4), 951-956.
- Jones, J. H. y Smith, S. N. (1979). Bobcat density and prey selection in Central Arizona. *Journal of Wildlife Management*. 43 (3): 666-671.
- Jones, J., y Manning, R. W. (1991). Comments on distribution of 2 species of pocket mice (genus-*Chaetodipus*) along the pecos river, Texas. *Texas Journal of Science*, 43(1), 99-101.
- Julie Gard, B. S. (2016). Bovine Genital Campylobacteriosis-A Review. *International Journal of Veterinary Science and Research* 2 (1): 029-031. DOI: [http://dx.doi.org/10.17352/ijvsr.11\(029\).5-7](http://dx.doi.org/10.17352/ijvsr.11(029).5-7).
- Kiester, A. R., Palomo-Ramos, R., Ríos-Arana, J. y Goode, E.V. (2018). *Gopherus flavomarginatus*. The IUCN Red List of threatened species 2018: Recuperado el 10 enero, 2019 de: <http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2018-2.RLTS>.
- Kim, M., Kim, J., Kuehn, L. A., Bono, J. L., Berry, E. D., Kalchayanand, N., ... y Wells, J. E. (2014). Investigation of bacterial diversity in the feces of cattle fed different diets. *Journal of animal science*, 92(2), 683-694.
- Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M. y Glöckner, F. O. (2013). Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic Acids Research*, 41(1).
- Koerner, R. J., Goodfellow, M., y Jones, A. L. (2009). The genus *Dietzia*: a new home for some known and emerging opportunist pathogens. *FEMS Immunology y Medical Microbiology*, 55(3), 296-305.
- Kohl, K. D., Miller, A. W., Marvin, J. E., Mackie, R., y Dearing, M. D. (2014). Herbivorous rodents (*Neotoma spp.*) harbour abundant and active foregut microbiota. *Environmental microbiology*, 16(9), 2869-2878.
- Kosoy, M., Bai, Y., Lynch, T., Kuzmin, I. V., Niezgod, M., Franka, R., ... y Rupprecht, C. E. (2010). *Bartonella spp.* in bats, Kenya. *Emerging infectious diseases*, 16(12), 1875.
- Krausman, P. R., Kuenzi, A. J., Etchberger, R. C., Rautenstrauch, K. R., Ordway, L. L., y Hervert, J. J. (1997). Diets of desert mule deer. *Journal of Range Management*, 513-522.

- Kufeld, R. C., Wallmo, O. C., y Feddema, C. (1973). Foods of the Rocky Mountain mule deer. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Forest Service.
- Kylie, J., Weese, J. S., y Turner, P. V. (2018). Comparison of the fecal microbiota of domestic commercial meat, laboratory, companion, and shelter rabbits (*Oryctolagus cuniculi*). *BMC veterinary research*, 14(1), 143.
- Lenhart, P. A., Mata-Silva, V., y Johnson, J. D. (2010). Foods of the pallid bat, *Antrozous pallidus* (Chiroptera: Vespertilionidae), in the Chihuahuan desert of western Texas. *The Southwestern Naturalist*, 55(1), 110-116.
- León-Tapia, M. A. (2014). Los roedores múridos de México: los pequeños mamíferos exitosos. CONABIO. *Biodiversitas*, 113:8-11.
- Lewis, A. W. (1972). Seasonal population changes in the cactus mouse, *Peromyscus eremicus*. *Southwestern Naturalist*. 17:85-93.
- Ley, R. E., Hamady, M., Lozupone, C., Turnbaugh, P. J., Ramey, R. R., Bircher, J. S., ... y Gordon, J. I. (2008a). Evolution of mammals and their gut microbes. *Science*, 320(5883), 1647-1651.
- Ley, R. E., Lozupone, C. A., Hamady, M., Knight, R., y Gordon, J. I. (2008b). Worlds within worlds: evolution of the vertebrate gut microbiota. *Nature Reviews Microbiology*, 6(10), 776.
- Ley, R.E., Bäckhed, F., Turnbaugh, P., Lozupone, C. A., Knight, R. D. y Gordon, J. I. (2005). Obesity alters gut microbial ecology. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 102(31), 11070-11075.
- Li, D., Chen, H., Mao, B., Yang, Q., Zhao, J., Gu, Z., ... y Chen, W. (2017). Microbial biogeography and core microbiota of the rat digestive tract. *Scientific reports*, 7, 45840.
- Li, J., Zhan, S., Liu, X., Lin, Q., Jiang, J., y Li, X. (2018a). Divergence of fecal microbiota and their associations with host phylogeny in Cervinae. *Frontiers in microbiology*, 9.1823
- Li, Y., Hu, X., Yang, S., Zhou, J., Qi, L., Sun, X., ... y Lin, S. (2018b). Comparison between the fecal bacterial microbiota of healthy and diarrheic captive musk deer. *Frontiers in microbiology*, 9, 300.
- Long, W. S. 1940. Notes on the life histories of some Utah mammals. *Journal of Mammal*. 21:170-180.
- López Acosta, M. A. (1997). Contribución al conocimiento de los lagomorfos (Leporidae) de Nuevo León, México (Doctoral dissertation, Universidad Autónoma de Nuevo León).
- Love, D. N., Jones, R. F., y Bailey, M. (1980). Characterization of *Fusobacterium* species isolated from soft tissue infections in cats. *Journal of Applied Bacteriology*, 48(2), 325-331.
- Luna, S. H. y López, G. C. (2005). Abundance and food habits of cougars and bobcats in the Sierra de San Luis, Sonora, México. *USDA Forest Service Proceedings RMRS-P-36*, 416.
- MacCracken, J. G., y Uresh, D. W. (1984). Coyote foods in the Black hills, South Dakota. *The Journal of wildlife management*, 48(4), 1420-1423.
- Macêdo, R. H., y Mares, M. A. (1988). *Neotoma albigula*. *Mammalian species*, (310), 1-7.

- MacMillen, R. E. (1964). Population ecology, water relations, and social behavior of a southern California semidesert rodent fauna. *University of California Publications in Zoology*. 71:1-59.
- MacMillen, R. E. (1965). Aestivation in the cactus mouse *Peromyscus eremicus*. *Comparative Biochemistry and Physiology*. 16:227-248.
- Maehr, D. S. y Brady, J. R. (1986). Food habits of bobcats in Florida. *Journal of Mammal*. 67: 133-138.
- Malinik, H. (2005). Genus II. *Anaerobiospirillum* Davis, Clevene, Brown and Balish, 1976, 503 emend. Malnick 1997, 383. Garrity, G. M., Brenner, D. J., Krieg, N. R. y Staley, J. T. (eds). *Bergey's manual of Systematic Bacteriology*, Second Edition, Vol. 2: "The Proteobacteria", parte B "The Gammaproteobacteria". Springer, New York. Pp. 582
- Mandujano, S., y Gallina, S. (1996). Size and composition of white-tailed deer groups in a tropical dry forest in Mexico. *Ethology Ecology y Evolution*, 8(3), 255-263.
- Martínez, E. y Díaz, E. (2013). Bacterias gram negativas anaerobias facultativas. Enterobacterias. Géneros: *Escherichia*, *Yersinia*, *Edwardsiella*, *Klebsiella*, *Enterobacter*, *Morganella*, *Proteus* y *Serratia*. En: Martínez, A., Díaz, E., Argote, E. y Peñate, O. *Bacteriología veterinaria*. Consejo Científico Veterinario y Sociedad Cubana de Microbiología Veterinaria. Habana, Cuba. Pp.193-194.
- Maurice, C. F., Knowles, S. C., Ladau, J., Pollard, K. S., Fenton, A., Pedersen, A. B., y Turnbaugh, P. J. (2015). Marked seasonal variation in the wild mouse gut microbiota. *The ISME journal*, 9(11), 2423.
- McClure, D. E. (2012). Mycobacteriosis in the rabbit and rodent. *Veterinary Clinics: Exotic Animal Practice*, 15(1), 85-99.
- McCord, C. M., y Cardoza, J. E. (1982). Bobcat and lynx. *Wild mammals of North America*, 728-766.
- McDonald, D., Clemente, J. C., Kuczynski, J., Rideout, J. R., Stombaugh, J., Wendel, D. y Caporaso, J. G. (2012). The Biological Observation Matrix (BIOM) format or: how I learned to stop worrying and love the ome-ome. *GigaScience*. 1:7
- McFall-Ngai, M., Hadfield, M. G., Bosch, T. C., Carey, H. V., Domazet-Lošo, T., Douglas, A. E., ... y Hentschel, U. (2013). Animals in a bacterial world, a new imperative for the life sciences. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(9), 3229-3236.
- McLean, L. M., McCay, S. T. y Lovallo, M. J. (2005). Influence of age, sex and time of year on diet of bobcat (*Lynx rufus*) in Pennsylvania. *The American Midland Naturalist*. 153, 2; 450-453.
- Medellín, R. A., Arita, H. T., y Sánchez, Ó. (2008). Identificación de los murciélagos de México: clave de campo. Instituto de Ecología, UNAM.
- Meerburg, B. G., y Kijlstra, A. (2007). Role of rodents in transmission of *Salmonella* and *Campylobacter*. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 87(15), 2774-2781.
- Meerburg, B. G., Jacobs-Reitsma, W. F., Wagenaar, J. A., y Kijlstra, A. (2006). Presence of *Salmonella* and *Campylobacter* spp. in wild small mammals on organic farms. *Applied and Environmental Microbiology*. 72(1), 960-962.
- Menke, S., Heurich, M., Henrich, M., Wilhelm, K., y Sommer, S. (2019). Impact of winter enclosures on the gut bacterial microbiota of red deer in the Bavarian Forest National Park. *Wildlife Biology*, 2019(1).

- Menke, S., Meier, M., y Sommer, S. (2015). Shifts in the gut microbiome observed in wildlife faecal samples exposed to natural weather conditions: Lessons from time-series analyses using next-generation sequencing for application in field studies. *Methods in Ecology and Evolution*, 6(9), 1080-1087.
- Menke, S., Meier, M., Mfune, J. K., Melzheimer, J., Wachter, B., y Sommer, S. (2017). Effects of host traits and land-use changes on the gut microbiota of the Namibian black-backed jackal (*Canis mesomelas*). *FEMS microbiology ecology*, 93(11), fix123.
- Meserve, P. L. 1976. Food relationships of a rodent fauna in a California coastal sage scrub community. *Journal of Mammal.* 57:300-319.
- Metcalfe, J. L., Song, S. J., Morton, J. T., Weiss, S., Seguin-Orlando, A., Joly, F., ... y Willerslev, E. (2017). Evaluating the impact of domestication and captivity on the horse gut microbiome. *Scientific reports*, 7(1), 15497.
- Meyer, M. E. (1976). Evolution and taxonomy in the genus *Brucella*: Brucellosis of rodents. *Theriogenology*, 6(2-3), 263-272.
- Miller, A. W., Kohl, K. D., y Dearing, M. D. (2014). The gastrointestinal tract of the white-throated woodrat (*Neotoma albigula*) harbors distinct consortia of oxalate-degrading bacteria. *Applied Environmental Microbiology*. 80(5), 1595-1601.
- Miller, S. D., y Speake, D. W. (1978). Prey utilization by bobcats on quail plantations in southern Alabama. In *Proceedings of the Annual Conference of the Southeastern Association of Fish and Wildlife Agencies* (Vol. 32, pp. 100-111).
- Miller, S.D. (1992). Linces. Pp. 148-155. In: J. Seidensticker y S. Lumpkin (eds.). *Felinos*. Encuentro Editorial, S. A., Barcelona
- Milnes, A. S., Stewart, I., Clifton-Hadley, F. A., Davies, R. H., Newell, D. G., Sayers, A. R., ... y Evans, S. J. (2008). Intestinal carriage of verocytotoxigenic *Escherichia coli* O157, *Salmonella*, thermophilic *Campylobacter* and *Yersinia enterocolitica*, in cattle, sheep and pigs at slaughter in Great Britain during 2003. *Epidemiology y Infection*, 136(6), 739-751.
- Moeller, A. H., Suzuki, T. A., Lin, D., Lacey, E. A., Wasser, S. K., y Nachman, M. W. (2017). Dispersal limitation promotes the diversification of the mammalian gut microbiota. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 114(52), 13768-13773.
- Montaño, N. M., adn Monroy, A. A. (2000). Conservación ecológica de suelos en zonas áridas y semiáridas en México. *Ciencia y Desarrollo*, 154, 26-37.
- Morafka, D. J., Aguirre, G., y Adest, G. A. (1989). *Gopherus flavomarginatus* Bolson tortoise. The Conservation Biology of Tortoises. Switzerland: Occasional Paper of the IUCN Species Survival Commission, 5, 10-13.
- Muegge, B. D., Kuczynski, J., Knights, D., Clemente, J. C., González, A., Fontana, L., ... y Gordon, J. I. (2011). Diet drives convergence in gut microbiome functions across mammalian phylogeny and within humans. *Science*, 332(6032), 970-974.
- Mühldorfer, K. (2013). Bats and bacterial pathogens: a review. *Zoonoses and public health*, 60(1), 93-103.
- Murray, A. L., Barber, A. M., Jenkins, S. H., y Longland, W. S. (2006). Competitive environment affects food-hoarding behavior of Merriam's kangaroo rats (*Dipodomys merriami*). *Journal of Mammalogy*, 87(3), 571-578.
- Murrieta-Galindo, R., y Cuautle-García, L. M. (2016). Caracterización de madrigueras del género *Dipodomys* en dos comunidades vegetales en la Reserva de la Biosfera Mapimí, Durango, México. *RINDERESU*, 1(2), 35-47.

- Nava, G. M., Friedrichsen, H. J., y Stappenbeck, T. S. (2011). Spatial organization of intestinal microbiota in the mouse ascending colon. *The ISME journal*, 5(4), 627.
- Navas-Molina, J. A., Peralta-Sánchez, J. M., González, A., McMurdie, P. J., Vázquez-Baeza, Y., Xu, Z., ... y Huntley, J. (2013). Advancing our understanding of the human microbiome using QIIME. In *Methods in enzymology* (Vol. 531, pp. 371-444). Academic Press.
- Neish, A.S. (2009). Microbes in gastrointestinal health and disease. *Gastroenterology*, 136(1):65-80.
- Nelson, T. M., Rogers, T. L., y Brown, M. V. (2013). The gut bacterial community of mammals from marine and terrestrial habitats. *PLoS One*, 8(12), e83655.
- Nichols J D y Conroy M J. (1996). Chapter 10. Techniques for Estimating Abundance and Species Richness. Introduction. In: D. E. Wilson, F. R. Cole, J. D. Nichols, R. Rudran y M. S. Foster (eds.) *Measuring and monitoring biological diversity. Standard methods for mammals. Smithsonian Institution Press*, Washington y London. pp. 177-179.
- Nowak, R. M. (1991). *Walker's Mammals of the World*. 5th ed Johns Hopkins Univ Press. Baltimore and London.
- Núñez-Díaz, J. A., Balebona, M. C., Alcaide, E. M., Zorrilla, I., y Moriñigo, M. Á. (2017). Insights into the fecal microbiota of captive Iberian lynx (*Lynx pardinus*). *International Microbiology*, 20(1), 31-41.
- O' Donnell, M. M., Harris, H. M. B., Ross, R. P. y O'Toole, P. W. (2017). Core fecal microbiota of 386 domesticated herbivorous ruminant, hindgut fermenters, and monogastric 387 animals. *Microbiology open*.;6(5):e00509.
- Ocaña, C. L., Andre, F., Engel, M. V. A., Torres, J., Okamoto, V. I., y Gutiérrez, B. O. E. (1986). *Zonas Áridas*. Universidad Nacional Agraria, La Molina, Lima-Perú.
- O'Donnell, M. M., Harris, H. M. B., Jeffery, I. B., Claesson, M. J., Younge, B., O'Toole, P. W., y Ross, R. P. (2013). The core faecal bacterial microbiome of Irish Thoroughbred racehorses. *Letters in applied microbiology*, 57(6), 492-501.
- Oehler, R. L., Velez, A. P., Mizrahi, M., Lamarche, J., y Gompf, S. (2009). Bite-related and septic syndromes caused by cats and dogs. *The Lancet infectious diseases*, 9(7), 439-447.
- Olsen, R. W. (1976). Water: a limiting factor for a population of wood rats. *The Southwestern Naturalist*, 391-398.
- Ondov, B.D., Bergman, N.H. y Phillippy, A.M. (2011). Interactive metagenomic visualization in a Web browser. *BMC Bioinformatics* 12:385. doi:10.1186/1471-2105-12-385
- O'Shea, T. J., y Vaughan, T. A. (1977). Nocturnal and seasonal activities of the pallid bat, *Antrozous pallidus*. *Journal of Mammalogy*, 58(3), 269-284.
- Ozutsumi, Y., Hayashi, H., Sakamoto, M., Itabashi, H., y Benno, Y. (2005). Culture-independent analysis of fecal microbiota in cattle. *Bioscience, biotechnology, and biochemistry*, 69(9), 1793-1797.
- Pacheco-Torres, I., García-De la Peña, C., Aguillón-Gutiérrez, D. R., Meza-Herrera, C. A., Vaca-Paniagua, F., Díaz-Velásquez, C. E., ... y Ávila-Rodríguez, V. (2019). First insights into the fecal bacterial microbiota of the black-tailed prairie dog (*Cynomys ludovicianus*) in Janos, Mexico. *Animal Biodiversity and Conservation*. 42(1):127-134.

- Pacheco-Torres, I., García-De la Peña, C., Meza-Herrera, C.A., Tarango-Arámula., L.A., Vaca-Paniagua, F. y Díaz-Velásquez, C. (octubre de 2018). Estudio preliminar de la diversidad bacteriana fecal de la rata canguro (*Dipodomys merriami*) en la Reserva de la Biosfera Mapimí. Arenas (Coordinador). XIV Congreso Nacional sobre Recursos Bióticos de Zonas Áridas, congreso llevado a cabo en Bermejillo, Durango.
- Penner, J. L. (2005). Genus XXIX. *Proteus*. En: Garrity, G. M., Brenner, D.J., Krieg, N. R., Staley, J.T. (eds). *Bergey's manual of Systematic Bacteriology*. Second Edition. Volume Two: The Proteobacteria. Part B: The Gammaproteobacteria. Springer. Pp. 745-753
- Pienaar, C., Kruger, A. J., Venter, E. C., y Pitout, J. D. D. (2003). *Anaerobiospirillum succiniciproducens* bacteraemia. *Journal of clinical pathology*, 56(4), 316-318.
- Platt, H., Atherton, J. G., y Øskov, I. (1976). *Klebsiella* and *Enterobacter* organisms isolated from horses. *Epidemiology y Infection*, 77(3), 401-408.
- Podschun, R., y Ullmann, U. (1998). *Klebsiella* spp. as nosocomial pathogens: epidemiology, taxonomy, typing methods, and pathogenicity factors. *Clinical microbiology reviews*, 11(4), 589-603.
- Poiani, K. A., Merrill, M. D., y Chapman, K. A. (2001). Identifying conservation-priority areas in a fragmented Minnesota landscape based on the umbrella species concept and selection of large patches of natural vegetation. *Conservation Biology*, 15(2), 513-522.
- Posautz, A., Kübber-Heiss, A., y Loncaric, I. (2016). Faecal flora of captive European brown hares (*Lepus europaeus*). *Agriculture and Agricultural Science Procedia*, 10, 358-363.
- Qin, J., Li, R., Raes, J., Arumugam, M., Burgdorf, K. S., Manichanh, C., ...y Wang, J. (2010). A human gut microbial gene catalog established by metagenomic sequencing. *Nature*, 464(7285): 59– 65.
- Radolf, J. D. (1996). Treponema. In: Baron S, editor. Medical Microbiology. 4th edition. University of Texas Medical Branch at Galveston (TX): University of Texas Medical Branch at Galveston; 1996. Chapter 36. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK7716/>
- Ramírez-Pulido, J., González-Ruiz, N., Gardner, A. L., y Arroyo-Cabrales, J. (2014). List of recent land mammals of Mexico, 2014. Special Publications. Museum of Texas Tech University. 63:55-59.
- Ramsey, K. H., Sigar, I. M., Schripsema, J. H., Townsend, K. E., Barry, R. J., Peters, J., y Platt, K. B. (2016). Detection of *Chlamydia* infection in *Peromyscus* species rodents from sylvatic and laboratory sources. *Pathogens and disease*, 74(3).
- Reichman, O. J. (1983). Behavior of desert heteromyids. *Great Basin Naturalist Memoirs*, 77-90.
- Reid F. A. (2006). Mammals of North America. The peterson field guide series. Pp. 579.
- Ritchie, L. E., Burke, K. F., Garcia-Mazcorro, J. F., Steiner, J. M., y Suchodolski, J. S. (2010). Characterization of fecal microbiota in cats using universal 16S rRNA gene and group-specific primers for *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* spp. *Veterinary microbiology*, 144(1-2), 140-146.
- Rodrigues, C., Passet, V., Rakotondrasoa, A., y Brisse, S. (2018). Identification of *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella quasipneumoniae*, *Klebsiella variicola* and related phylogroups by MALDI-TOF mass spectrometry. *Frontiers in microbiology*, 9, 3000.

- Roggenbuck, M., Schnell, I. B., Blom, N., Bælum, J., Bertelsen, M. F., Sicheritz-Pontén, T., ... y Hansen, L. H. (2014). The microbiome of New World vultures. *Nature Communications*, 5, 5498.
- Romero-Almaraz, M. L., Sánchez-Hernández C., García-Estrada, C. y Owen, R. D. (2007). Mamíferos pequeños: Manual de técnicas de captura, preparación, preservación y estudio. Capítulo 3. Segunda edición. Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F. pp 39-58.
- Root, J. J., Jorgensen, E. E., y Demarais, S. (1999). Effects of a habitat boundary on small mammals associated with the White Sands dune complex. *The Southwestern Naturalist*, 193-198.
- Rudi, K., Moen, B., Sekelja, M., Frisli, T. y Lee, M.R. (2012). An eight-year investigation of bovine livestock fecal microbiota. *Veterinary Microbiology*. 160:369–377.
- Rural, F. (2009). Bovinos y sus derivados. FINRURAL. México.
- Rzedowski, J. (2006). Vegetación de México. 1ra. Edición digital, Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, México, 504.
- Sánchez-Cordero, V., y Fleming, T. H. (1993). Ecology of tropical heteromyids. Ecología de los heteromyíidos tropicales. *American Society of Mammalogists. Special Publication.*, 10, 596-617.
- Schmidly, D. (1999). Nelson's Pocket Mouse (*Chaetodipus nelsoni*). In: D. Wilson, S Ruff, eds. *The Smithsonian Book of North American Mammals*. Washington and London: The Smithsonian Institution Press. Pp. 515-516
- Schmidly, D. J. (1977). Mammals of Trans-Pecos Texas. Texas A y M University Press.
- Schmidly, D. J., Wilkins, K. T., y Derr, J. N. (1993). Biogeography. Biology of the Heteromyidae (HH Genoways and JH Brown, eds.). Special Publication, 10, 319-356.
- Schmidt, E., Mykytczuk, N., y Schulte-Hostedde, A. I. (2019). Effects of the captive and wild environment on diversity of the gut microbiome of deer mice (*Peromyscus maniculatus*). *The ISME journal*, 1.
- Schmidt-Nielsen, B., Schmidt-Nielsen, K., Brokaw, A., y Schneiderman, H. (1948). Water conservation in desert rodents. *Journal of Cellular and Comparative Physiology*, 32(3), 331-360.
- Schmidt-Nielsen, K., y Schmidt-Nielsen, B. (1952). Water metabolism of desert mammals. *Physiological Reviews*, 32(2), 135-166.
- Schmidt-Nielsen, K., (1964). Desert animals. Oxford Univ. Press, London, 277 pp.
- SEMARNAT (2010). Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010, Protección ambiental-Especies nativas de México de flora y fauna silvestres-Categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio-Lista de especies en riesgo. Diario oficial de la federación, 110.
- Shepherd, M. L., Swecker Jr, W. S., Jensen, R. V., y Ponder, M. A. (2012). Characterization of the fecal bacteria communities of forage-fed horses by pyrosequencing of 16S rRNA V4 gene amplicons. *FEMS microbiology letters*, 326(1), 62-68.
- Soholt, L. F. (1975). Water balance of Merriam's kangaroo rat, *Dipodomys merriami*, during cold exposure. *Comparative Biochemistry and Physiology Part A: Physiology*, 51(2), 369-372.

- Stalder, G. L., Pinior, B., Zwirzitz, B., Loncaric, I., Jakupović, D., Vetter, S. G., ... y Hoffmann, D. (2019). Gut microbiota of the European Brown Hare (*Lepus europaeus*). *Scientific reports*, 9(1), 2738.
- Stanley, K., y Jones, K. (2003). Cattle and sheep farms as reservoirs of *Campylobacter*. *Journal of applied microbiology*, 94, 104-113.
- Stevens, C. E., y Hume, I. D. (2004). Comparative physiology of the vertebrate digestive system. *Cambridge University Press*.
- Stewart, H. L., Pitta, D., Indugu, N., Vecchiarelli, B., Engiles, J. B., y Southwood, L. L. (2018). Characterization of the fecal microbiota of healthy horses. *American journal of veterinary research*, 79(8), 811-819.
- Stoffel, M. H., Friess, A. E., Burnens, A., Schmassmann, A., y Neiger, R. (2000). Distinction of gastric *Helicobacter* spp. in humans and domestic pets by scanning electron microscopy. *Helicobacter*, 5(4), 232-23
- Sunquist, M. E., y Sunquist, F. C. (1989). Ecological constraints on predation by large felids. In *Carnivore behavior, ecology, and evolution*. Springer, Boston, MA. (pp. 283-301).
- Trápaga, R. G., y León, G. A. (2006). *Gopherus flavomarginatus*: La tortuga del bolsón. *Reptilia: revista especializada en reptiles, anfibios y artrópodos*, (62), 26-31.
- Tsukamura, M. (1971). Proposal of a new genus, *Gordona*, for slightly acid-fast organisms occurring in sputa of patients with pulmonary disease and in soil. *Microbiology*, 68(1), 15-26.
- Tu, Z. C., Zeitlin, G., Gagner, J. P., Keo, T., Hanna, B. A., y Blaser, M. J. (2004). *Campylobacter fetus* of reptile origin as a human pathogen. *Journal of clinical microbiology*, 42(9), 4405-4407.
- Tzab-Hernández, L. A. y Macswiney- González, M. C. (2014). Roedores ¿plagas indeseables o animales útiles? *CONABIO. Biodiversitas*, 115:12-16.
- Vaughan, T. A. (1954). Mammals of the San Gabriel Mountains of California. *University of Kansas Publications Museum of Natural History*. 7:513- 582.
- Vaughan-Dickhaut, C. (1983). Coyote range expansion in Costa Rica and Panama. Expansión del rango de distribución del coyote en Costa Rica y Panamá. *Brenesia.*, (21), 27-32.
- Vázquez-Baeza, Y., Pirrung, M., González, A. y Knight, R. (2013). EMPERor: a tool for visualizing high-throughput microbial community data. *Gigascience* 2:16.
- Veal, R., y Caire, W. (1979). *Peromyscus eremicus*. *Mammalian species*, (118), 1-6.
- Veal, R., y Caire, W. (1979). *Peromyscus eremicus*. *Mammalian species*, (118), 1-6.
- Velasco-Galilea, M., Piles, M., Viñas, M., Rafel, O., González-Rodríguez, O., Guivernau, M., y Sánchez, J. P. (2018). Rabbit Microbiota Changes Throughout the Intestinal Tract. *Frontiers in microbiology*, 9, 2144.
- Vengust, M., Knapic, T., y Weese, J. S. (2018). The fecal bacterial microbiota of bats; Slovenia. *PLoS one*, 13(5), e0196728.
- Villa, R. B. y Cervantes, F. A. (2003). Los mamíferos de México. Grupo Editorial Iberoamericana, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. 140 págs. más 1 disco compacto.
- Weber, M., y Galindo-Leal, C. (2005). Venado bura, *Odocoileus hemionus* (Rafinesque, 1817). *Los Mamíferos Silvestres de México*, 515-517.



- Weiss, S., Z.Z. Xu, S. Peddada, A. Amir, K. Bittinger, A. González, C. Lozupone, J.R. Zaneveld, Y. Vázquez-Baeza, A. Birmingham, E.R. Hyde, y R. Knight. (2017). Normalization and microbial differential abundance strategies depend upon data characteristics. *Microbiome* 5:27
- Weldon, L., Abolins, S., Lenzi, L., Bourne, C., Riley, E. M., y Viney, M. (2015). The gut microbiota of wild mice. *PLoS One*, 10(8), e0134643.
- Whitaker, J. O., Jr. 1968. Parasites. Pp. 254-311, in *Biology of Peromyscus* (Rodentia) (J. A. King, ed.). *Special Publications of American Society of Mammalogist*. 2:xiii + 1-593
- Williams, D. F., Genoways, H. H., y Braun, J. K. (1993). Taxonomy. 38–196. *Biology of the Heteromyidae* HH Genoways y JH Brown. eds. *Special Publication*, 10.
- Wilson, D. E., y Reeder, D. M. (Eds.). (2005). *Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference* (Vol. 1). JHU Press.
- Wolkers-Rooijackers, J., Rebmann, K., Bosch, T., y Hazeleger, W. C. (2018). Fecal bacterial communities in insectivorous bats from the Netherlands and their role as a possible vector for foodborne diseases. *Acta Chiropterologica*, 20(2), 475-483.
- Wrenn, W. J., y Loomis, R. B. (1974). The *Euschoengastia redfordi* species complex (Acarina: Trombiculidae) from western North America, with descriptions of five new species. *Annals of the Entomological Society of America*. 67:241-256.
- Wu, X., Zhang, H., Chen, J., Shang, S., Yan, J., Chen, Y., ... y Zhang, H. (2017). Analysis and comparison of the wolf microbiome under different environmental factors using three different data of Next Generation Sequencing. *Scientific reports*, 7(1), 11332.
- Yancey, F. D. (1997). *mammals of Big Bend Ranch State Park, Texas*. Museum of Texas Tech.
- Yeruham, I., Braverman, Y., Shpigel, N. Y., Chizov-Ginzburg, A., Saran, A., y Winkler, M. (1996). Mastitis in Dairy Cattle Caused by *Corynebacterium pseudotuberculosis* and the Feasibility Of Transmission by Houseflies I. *Veterinary quarterly*, 18(3), 87-89.
- Yildirim, S., Yeoman, C. J., Sipos, M., Torralba, M., Wilson, B. A., Goldberg, T. L., ... y Nelson, K. E. (2010). Characterization of the fecal microbiome from non-human wild primates reveals species specific microbial communities. *PloS one*, 5(11), e13963.
- Yoon, S. H., Ha, S. M., Kwon, S. Lim, J., Kim, Y., Seo, H. y Chun, J. (2017). Introducing EzBioCloud: a taxonomically united database of 16S rRNA and whole genome assemblies. *International Journal of Sistematic and Evolutionary Microbiology*; 67:1613-16-17
- Yuan, M. L., Dean, S. H., Longo, A. V., Rothermel, B. B., Tuberville, T. D., y Zamudio, K. R. (2015). Kinship, inbreeding and fine-scale spatial structure influence gut microbiota in a hindgut-fermenting tortoise. *Molecular Ecology*, 24(10), 2521-2536.
- Zeng, B., Han, S., Wang, P., Wen, B., Jian, W., Guo, W., ... y Yang, M. (2015). The bacterial communities associated with fecal types and body weight of rex rabbits. *Scientific reports*, 5, 9342.
- Zhang, J., Kobert, K., Flouri, T. y Stamatakis, A. (2014). PEAR: a fast and accurate Illumina Paired-End reAd mergeR, *Bioinformatics*. (30): 614-620.

Zheludkov, M. M., y Tsirelson, L. E. (2010). Reservoirs of *Brucella* infection in nature. *Biology bulletin*, 37(7), 709-715.