



**Somos calidad,
somos USC**

Composición de la microbiota intestinal en perros clínicamente sanos: Revisión sistemática de literatura científica

Autor

Vanessa Vélez Victoria

Médico Veterinario

Director

Juan David Gutiérrez Gómez

Ecología y Conservación de la Biodiversidad

Medicina de la conservación animal.

Facultad de Ciencias Básicas

Medicina Veterinaria

Universidad Santiago de Cali

Santiago de Cali - Colombia

2026

IMPACTOS

IMPACTO	PRODUCTO	BENEFICIARIO(S)
Económico	Información útil para el diseño de dietas funcionales y uso racional de probióticos	Clínicas veterinarias, dueños de mascotas
Responsabilidad social	Aporte al bienestar animal mediante estrategias de salud preventiva	Comunidad veterinaria, propietarios de perros
Científico	Revisión de literatura actualizada sobre la microbiota canina	Estudiantes, investigadores y médicos veterinarios
Indicadores de Gestión	Propuesta de protocolos de manejo intestinal saludable basados en evidencia científica	Centros académicos, clínicas
Tecnológico	Aplicación de análisis bioinformáticos para caracterizar la microbiota	Docentes, investigadores, estudiantes
Técnico	Sistematización de factores que influyen en el equilibrio microbiano	Profesionales veterinarios
Ambiental	Promoción de prácticas alimenticias sostenibles y control de antibióticos	Medio ambiente, animales
Social	Mejora en la calidad de vida de los perros y su entorno humano	Dueños de mascotas, sociedad en general
Cultural	Fomento del cuidado responsable de los animales y su salud intestinal	Comunidad en general

COMPOSICIÓN DE LA MICROBIOTA INTESTINAL EN PERROS CLÍNICAMENTE SANOS: REVISIÓN DE LITERATURA CIENTÍFICA.

Vanessa Vélez Victoria (vanessa.velev@usc.edu.co)

¹Grupo de Investigación ECOBIO, Programa de Medicina Veterinaria. Facultad de Ciencias Básicas. Universidad Santiago de Cali. Campus Pampalinda Calle 5 # 62-00. Santiago de Cali. Colombia

RESUMEN

La microbiota intestinal desempeña un papel fundamental en la salud de los caninos, tiene funciones dentro de sistemas varios tales como el digestivo, la síntesis de vitaminas, la modulación inmunológica, la protección contra patógenos, etc. La revisión sistemática presente tuvo como objetivo el análisis de la composición y diversidad microbiana en perros sin alteraciones clínicas aparentes, así como identificar los principales factores en los que influyen estas colonias dentro del equilibrio intestinal y sistémico. Se llevó a cabo una investigación descriptiva basada en literatura científica reciente, en un enfoque cualitativo y sustentado en estudios relacionados al tema.

Los resultados mostraron que los filos bacterianos predominantes en perros sin aparentes novedades clínicas fueron Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria, cada uno con funciones específicas relacionadas con la fermentación de fibras, la producción de ácidos grasos de cadena corta y la modulación del sistema inmune.

Asimismo, se identificó la presencia de arqueas, hongos, virus y protozoos como parte del ecosistema intestinal.

Factores como la edad, la dieta, la genética, el ambiente y el estilo de vida se asociaron estrechamente con la diversidad y estabilidad de la microbiota.

La revisión concluyó que establecer una composición microbiana de referencia permite detectar desequilibrios (disbiosis) de forma más precisa y aplicar estrategias preventivas o terapéuticas eficaces. Esta información resulta esencial para el desarrollo de enfoques individualizados en la medicina veterinaria preventiva y para el bienestar integral de los animales de compañía.

Palabras clave:

Microbiota; microbiota; caninos; gastrointestinal; microbiota intestinal; microbiota saludable.

**COMPOSITION OF THE INTESTINAL MICROBIOTA IN CLINICALLY HEALTHY DOGS: A
REVIEW OF SCIENTIFIC LITERATURE**

ABSTRACT

The gut microbiota plays a fundamental role in canine health, with functions across various systems such as digestion, vitamin synthesis, immune modulation, protection against pathogens, and more. The present systematic review aimed to analyze the composition and microbial diversity in dogs without apparent clinical alterations, as well as to identify the main factors influencing these colonies within intestinal and systemic balance. A descriptive investigation was carried out based on recent scientific literature, using a qualitative approach supported by studies related to the topic.

The results showed that the predominant bacterial phyla in dogs with no apparent clinical issues were Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria, and Proteobacteria, each with specific roles related to fiber fermentation, short-chain fatty acid production, and immune system modulation. Additionally, the presence of archaea, fungi, viruses, and protozoa was identified as part of the intestinal ecosystem. Factors such as age, diet, genetics, environment, and lifestyle were closely associated with the diversity and stability of the microbiota.

The review concluded that establishing a reference microbial composition allows for more accurate detection of imbalances (dysbiosis) and the implementation of effective preventive or therapeutic strategies. This information is essential for the development of individualized approaches in preventive veterinary medicine and for the overall well-being of companion animals.

Keywords:

microbiome; canine; gastrointestinal; gut microbiome; healthy microbiota.

HIGHLIGHTS

- Firmicutes and Bacteroidetes are the dominant phyla in healthy dogs' gut microbiota.
- Factors such as diet, age, and lifestyle significantly influence microbial diversity.
- Identifying a reference microbiota aids in detecting dysbiosis and guiding treatments.

1. INTRODUCCIÓN

La microbiota intestinal canina constituye un ecosistema complejo y dinámico compuesto por bacterias, arqueas, virus y hongos que interactúan de manera constante con el hospedador, desempeñando un papel fundamental en el mantenimiento de la salud gastrointestinal y sistémica. En perros clínicamente sanos, este conjunto microbiano participa activamente en procesos esenciales como la digestión y fermentación de nutrientes, la síntesis de metabolitos bioactivos, la modulación del sistema inmunológico y la protección frente a microorganismos patógenos, contribuyendo de forma decisiva a la homeostasis intestinal (Pilla & Suchodolski, 2019; Rowland et al., 2017).

En condiciones fisiológicas, la microbiota intestinal canina se caracteriza por el predominio de los filos Firmicutes, Bacteroidetes, Fusobacteria, Actinobacteria y Proteobacteria, los cuales conforman un núcleo microbiano relativamente estable y funcional. Sin embargo, esta composición no es estática, sino que se encuentra influenciada por diversos factores intrínsecos y extrínsecos, entre los que destacan la edad, la dieta, la genética, el ambiente, el estilo de vida y el uso de antibióticos (Deng & Swanson, 2014; Suchodolski, 2021). Las variaciones dentro de estos parámetros pueden generar cambios fisiológicos normales o, en casos de alteraciones significativas, desencadenar estados de disbiosis asociados a trastornos gastrointestinales y sistémicos.

La disbiosis intestinal ha sido reconocida como un factor clave en el desarrollo de diversas patologías digestivas en perros, y su identificación temprana depende en gran medida del conocimiento previo de la composición microbiana característica de animales clínicamente sanos. En este contexto, establecer perfiles de referencia de la

microbiota intestinal resulta esencial para interpretar adecuadamente los cambios observados en situaciones patológicas y para orientar estrategias preventivas y terapéuticas basadas en la modulación del ecosistema intestinal (Mondo et al., 2019).

A pesar del creciente interés científico en el estudio de la microbiota intestinal canina, la información disponible se encuentra dispersa y presenta variaciones metodológicas que dificultan su integración y aplicación clínica. Por ello, la presente revisión sistemática de literatura científica tiene como objetivo analizar y sintetizar la evidencia disponible sobre la composición y diversidad de la microbiota intestinal en perros clínicamente sanos, así como identificar los principales factores que influyen en su equilibrio. De esta manera, se busca aportar un marco de referencia actualizado que contribuya al fortalecimiento de la medicina veterinaria preventiva y al bienestar integral de los animales de compañía

2. METODOLOGÍA

2.1. TIPO DE ESTUDIO

Se realizó una revisión sistemática de la literatura científica, siguiendo los lineamientos establecidos por la declaración PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta Analyses), con el fin de garantizar la transparencia, reproducibilidad y rigor metodológico del proceso de selección y análisis de la información.

2.2. FUENTES DE INFORMACIÓN

Tabla 1

Bases de datos	"Canine gut microbiota"	"Healthy dogs microbiome"	"Intestinal microbiota AND dogs AND 16S rRNA"
PLOS ONE	24.800	9.430	3.120
Frontiers in Veterinary Science	1.358	412	186
Veterinary Clinical Pathology	2.945	1.126	524
World Journal of Gastroenterology	3.210	1.487	603
Open Veterinary Journal	2.104	936	418

Elaboracion propia

Resultados obtenidos mediante búsqueda directa en cada base de datos utilizando las palabras clave indicadas. Los valores corresponden al número total de resultados arrojados por cada plataforma al momento de la consulta (2025). La búsqueda sistemática evidenció una mayor cantidad de resultados para el término general “Canine gut microbiota”, especialmente en PLOS ONE, lo que refleja el creciente interés científico en el estudio de la microbioma canino. Al aplicar términos más específicos como “Intestinal microbiota AND dogs AND 16S rRNA”, el número de publicaciones disminuyó considerablemente, permitiendo una selección más rigurosa de estudios con metodología molecular basada en secuenciación genética. Este filtrado facilitó la identificación de investigaciones con mayor solidez metodológica para su inclusión en la revisión.

2.3. ESTRATEGIA DE BÚSQUEDA

Se incluyeron artículos originales y revisiones sistemáticas que cumplieran con los siguientes criterios: (1) estudios realizados en perros clínicamente sanos, (2) análisis de la composición, diversidad o funciones de la microbiota intestinal, (3) uso de metodologías moleculares, principalmente secuenciación del gen 16S rRNA, y (4) publicaciones en inglés o español.

Se excluyeron estudios duplicados, investigaciones con información metodológica insuficiente, trabajos centrados exclusivamente en perros con patologías gastrointestinales diagnosticadas y estudios que abordaran microbiota de localizaciones distintas al intestino.

2.4. CRITERIOS DE INCLUSIÓN Y EXCLUSIÓN

2.4.1. Criterios de inclusión:

- Artículos originales con revisión por pares.
- Estudios publicados en inglés o español.
- Investigaciones enfocadas en la microbiota intestinal de perros adultos clínicamente sanos.
- Estudios que abordaran la composición, diversidad y funciones de la microbiota intestinal en condiciones de salud

2.4.2. Criterios de exclusión:

- Estudios duplicados.
- Publicaciones sin metodología claramente descrita.
- Artículos sin respaldo científico verificable.
- Investigaciones centradas en microbiota de otros sistemas corporales (oral, dérmica, respiratoria, entre otros)

2.5. PROCESO DE SELECCIÓN DE ESTUDIOS

En la búsqueda inicial se identificaron 124 artículos. Tras la eliminación de duplicados y la revisión de títulos y resúmenes, se seleccionaron 47 estudios para lectura a texto completo. Finalmente, 32 artículos cumplieron con los criterios establecidos y fueron incluidos en la síntesis cualitativa.

La información extraída fue organizada y analizada de manera cualitativa, agrupando los hallazgos en categorías temáticas relacionadas con la composición microbiana, las funciones fisiológicas y los factores que influyen en el equilibrio de la microbiota intestinal

2.6. EVALUACIÓN DE LA CALIDAD METODOLÓGICA Y RIESGO DE SESGO

Para garantizar la calidad de los estudios seleccionados y minimizar el riesgo de sesgo, se tomaron las siguientes medidas:

- Se consultaron múltiples bases de datos para evitar sesgos de publicación.
- Se incluyeron estudios en dos idiomas (inglés y español) para ampliar el alcance.
- Se consideraron criterios metodológicos como diseño del estudio, tamaño de muestra y herramientas utilizadas.
- Se analizaron las limitaciones de cada estudio (heterogeneidad, conflictos de interés, etc).

2.7. EXTRACCION Y ANALISIS DE DATOS

- La información fue organizada y sintetizada en un análisis con lo siguiente:
- Composición de la microbiota intestinal mayormente en perros.
- Funciones fisiológicas de los principales microorganismos identificados.
- Factores extrínsecos e intrínsecos que afectan el equilibrio microbiano.
- La síntesis será de tipo cualitativo, agrupando los resultados por temáticas y destacando patrones o contradicciones encontrados en la literatura

3. DESARROLLO Y DISCUSIÓN

La microbiota intestinal de los perros constituye un ecosistema complejo y altamente especializado, conformado por bacterias, arqueas, virus y hongos que interactúan de manera dinámica con el hospedador y con el ambiente intestinal. Esta interacción resulta esencial para el mantenimiento de la homeostasis gastrointestinal y para el

bienestar general del animal, al influir directamente en procesos metabólicos, inmunológicos y estructurales del tracto digestivo (Pilla & Suchodolski, 2019; Rowland et al., 2017).

En condiciones fisiológicas, la microbiota intestinal canina se caracteriza por el predominio de los filos Firmicutes, Bacteroidetes, Fusobacteria, Actinobacteria y Proteobacteria. Dentro de estos grupos, *Fusobacterium* spp., *Clostridium hiranonis* y diversas especies del género *Bacteroides* han sido consistentemente identificados como taxones dominantes en perros clínicamente sanos (Deng & Swanson, 2014; Suchodolski, 2021). La presencia estable de estos microorganismos sugiere la existencia de un núcleo microbiano funcional que desempeña un papel clave en la fisiología digestiva canina.

Desde el punto de vista funcional, uno de los aportes más relevantes de la microbiota intestinal es la capacidad de fermentar carbohidratos no digeribles por las enzimas del hospedador, tales como fibras dietarias, almidones resistentes y polisacáridos vegetales. En este proceso, bacterias como *Fusobacterium* spp. participan activamente en la degradación de estos sustratos, liberando monosacáridos y oligosacáridos que actúan como fuente energética tanto para otros miembros de la microbiota como para el epitelio intestinal (Rowland et al., 2017). Esta función resulta especialmente relevante en el colon, donde la fermentación microbiana representa una fuente clave de energía metabólica.

La fermentación microbiana de carbohidratos da lugar a la producción de ácidos grasos de cadena corta (AGCC), principalmente acetato, propionato y butirato. Entre estos, el butirato posee un papel central en la salud intestinal. *Clostridium hiranonis*, junto con otros miembros del clúster de *Clostridium*, ha sido identificado como uno de los principales productores de butirato en la microbiota intestinal canina (Rowland et al., 2017).

El butirato constituye la principal fuente energética para los colonocitos, favoreciendo la renovación y reparación de la mucosa intestinal y contribuyendo al mantenimiento de la integridad de la barrera epitelial. Además, este metabolito participa en la conversión de ácidos biliares primarios en secundarios, regulando la disponibilidad de bilis en el intestino y modulando el crecimiento de microorganismos potencialmente patógenos (Suchodolski, 2021). Estos mecanismos evidencian que la microbiota intestinal no solo cumple funciones digestivas, sino que actúa como un regulador metabólico del ambiente intestinal.

Desde el punto de vista inmunológico, la producción de butirato también desempeña un rol fundamental en la modulación de la respuesta inmune local. Se ha demostrado que este ácido graso reduce la expresión de genes proinflamatorios, favorece la diferenciación de células T reguladoras y promueve un estado de tolerancia inmunológica en la mucosa intestinal, contribuyendo a la prevención de procesos inflamatorios crónicos (De Vos et al., 2022; Rowland et al., 2017).

Dentro de la microbiota intestinal canina, el género *Lactobacillus* se encuentra presente de manera habitual y cumple funciones protectoras relevantes. Estas bacterias producen ácido láctico, lo que genera una disminución del pH intestinal y crea un ambiente desfavorable para la proliferación de patógenos. Asimismo, compiten con microorganismos potencialmente dañinos por sitios de adhesión en la mucosa intestinal y estimulan la secreción de inmunoglobulina A (IgA), fortaleciendo la inmunidad de la mucosa (Jugan et al., 2017; Wynn, 2009; Grześkowiak et al., 2015).

De manera complementaria, *Bifidobacterium* spp. participa en la fermentación de oligosacáridos y en la producción de acetato y lactato, metabolitos que inhiben el crecimiento de patógenos sensibles a ambientes ácidos. Además, estas bacterias promueven la activación de células dendríticas tolerogénicas y estimulan la producción de IgA, reforzando los mecanismos de defensa inmunológica intestinal (Rowland et al., 2017; Grześkowiak et al., 2015).

La microbiota intestinal canina experimenta cambios significativos a lo largo del ciclo de vida del animal. Durante las primeras etapas, la colonización intestinal está dominada principalmente por bacterias del filo Proteobacteria, especialmente miembros de la familia Enterobacteriaceae. Estas bacterias establecen las condiciones iniciales del ambiente intestinal y favorecen la sucesión de otros grupos microbianos a medida que el sistema digestivo madura y la dieta evoluciona (Balouei et al., 2023; An et al., 2025).

En la etapa adulta, la microbiota alcanza una mayor estabilidad, caracterizada por una mayor abundancia de bacterias fermentadoras como *Fusobacterium* y *Bacteroidetes*. En contraste, durante la vejez se observa una disminución global de la diversidad bacteriana y una pérdida progresiva de bacterias productoras de butirato, como *Clostridium hiranonis*. Esta reducción compromete el aporte energético a los colonocitos, la integridad de la barrera

intestinal y la regulación antiinflamatoria del sistema inmune local, favoreciendo un entorno proinflamatorio asociado a la aparición de alteraciones gastrointestinales en perros geriátricos (Kubinyi & Bel Rhali, 2020). El entorno, el manejo y la convivencia influyen de manera significativa en la composición de la microbiota intestinal. Diferencias entre perros criados en ambientes domésticos e institucionales, así como entre distintas razas, sugieren que factores ambientales y genéticos contribuyen a la configuración del ecosistema intestinal (Hernandez et al., 2022; Hu et al., 2024).

Diversos estudios basados en secuenciación del gen 16S rRNA han permitido caracterizar cuantitativamente la microbiota intestinal de perros clínicamente sanos, reportando patrones relativamente consistentes en la abundancia relativa de los principales filos bacterianos.

En perros adultos sanos, Firmicutes representa aproximadamente entre 35% y 55% de la abundancia relativa total, seguido por Bacteroidetes, con valores que oscilan entre 20% y 35%, mientras que Fusobacteria puede representar entre 10% y 25% de la microbioma fecal. En menor proporción se encuentran Proteobacteria (2-10%) y Actinobacteria (1-5%) (Hooda et al., 2012; Alessandri et al., 2019; Pilla & Suchodolski, 2021).

En análisis de metagenómica profunda, Alessandri et al. (2019) reportaron que el núcleo microbiano canino incluye consistentemente géneros como *Fusobacterium*, *Bacteroides*, *Clostridium* y *Prevotella*, con variaciones intraindividuales inferiores al 15% en perros adultos mantenidos bajo dieta estable.

En términos de diversidad alfa, los índices de Shannon en perros clínicamente sanos suelen encontrarse en rangos de 3.5 a 5.5, dependiendo de la dieta y el entorno (Vilson et al., 2018; You & Kim, 2021). La riqueza bacteriana estimada mediante el índice Chao1 puede oscilar entre 300 y 800 OTUs, evidenciando una microbiota altamente diversa en condiciones fisiológicas (Honneffer et al., 2014).

Durante el periodo neonatal, se ha observado una predominancia inicial de Proteobacteria (>40%), particularmente Enterobacteriaceae, con una transición progresiva hacia un predominio de Firmicutes y Bacteroidetes al alcanzar la adultez (Garrigues et al., 2022; Balouei et al., 2023).

En perros geriátricos, diversos estudios reportan una reducción significativa en la diversidad alfa (disminución promedio del 15-25%) junto con una menor abundancia de bacterias productoras de butirato como *Clostridium hiranonis* (Kubinyi et al., 2020; Masuoka et al., 2016).

Suchodolski et al. (2009) demostraron que la administración de tilosina durante 14 días produjo una reducción significativa en la diversidad bacteriana (disminución del índice de Shannon en aproximadamente 30%) y una reducción marcada de Fusobacteria y Clostridiales, con aumento relativo de Proteobacteria.

En estudios posteriores, se observó que la recuperación completa de la composición basal puede tardar entre 4 y 8 semanas, aunque algunos taxones no retornan a niveles previos (Schmitz & Suchodolski, 2016).

Perros con sobrepeso muestran diferencias significativas en la proporción Firmicutes/Bacteroidetes, con incrementos relativos de Firmicutes hasta en un 10-15% comparado con perros normopeso (Chun et al., 2020; Morelli et al., 2022).

Entre los factores más disruptivos se encuentra el uso de antibióticos. El tratamiento con macrólidos como la tilosina ha demostrado generar una reducción significativa de la diversidad bacteriana, con disminución de bacterias productoras de butirato y proliferación de microorganismos oportunistas. Esta disbiosis se asocia clínicamente con diarrea, heces blandas y procesos inflamatorios intestinales, los cuales pueden persistir incluso después de suspender el antibiótico (Suchodolski et al., 2009; Frank et al., 2007).

La dieta constituye otro modulador clave del equilibrio microbiano. Cambios bruscos en la composición de macronutrientes pueden alterar la abundancia relativa de bacterias fermentadoras y afectar la producción de AGCC. En contraste, el uso de prebióticos y probióticos ha demostrado favorecer la proliferación de bacterias beneficiosas como *Lactobacillus* y *Bifidobacterium*, contribuyendo a la prevención y corrección de estados de disbiosis (Sanderson, 2013).

4. CONCLUSIONES

La presente revisión sistemática permitió evidenciar que la microbiota intestinal de los perros clínicamente sanos constituye un ecosistema complejo, dinámico y altamente especializado, cuya correcta composición resulta fundamental para el mantenimiento de la salud gastrointestinal y sistémica. Los estudios analizados coinciden en que, en condiciones fisiológicas, la microbiota intestinal canina se caracteriza por el predominio de los filos Firmicutes, Bacteroidetes y Fusobacteria, acompañados por Actinobacteria y Proteobacteria en menor proporción, conformando un núcleo microbiano relativamente estable y funcional.

La alta representación de bacterias productoras de ácidos grasos de cadena corta, especialmente butirato, resalta la importancia metabólica de la microbiota intestinal en perros sanos. Estos metabolitos desempeñan un papel esencial en la integridad de la mucosa intestinal, el mantenimiento de la barrera epitelial y la regulación de la respuesta inmunológica local, contribuyendo a la prevención de procesos inflamatorios y al adecuado funcionamiento del tracto gastrointestinal. En este sentido, la microbiota intestinal no debe considerarse únicamente como un conjunto de microorganismos comensales, sino como un componente activo e indispensable de la fisiología canina.

Asimismo, la evidencia recopilada demuestra que la composición y diversidad la microbiota intestinal están influenciadas por múltiples factores intrínsecos y extrínsecos, entre los que destacan la edad, la dieta, el ambiente y el uso de antibióticos. Estos factores pueden generar variaciones fisiológicas dentro de rangos de normalidad o, en casos de alteraciones más profundas, desencadenar estados de disbiosis asociados con enfermedades gastrointestinales. Por ello, el conocimiento de los perfiles microbianos en perros clínicamente sanos resulta esencial para interpretar adecuadamente los cambios observados en contextos patológicos.

Desde una perspectiva clínica y preventiva, el establecimiento de un microbiota intestinal de referencia en perros sanos representa una herramienta de gran valor para la medicina veterinaria. Dicho conocimiento permite mejorar la detección temprana de desequilibrios microbianos, optimizar el uso de estrategias terapéuticas basadas en la

modulación de la microbiota como dietas funcionales, prebióticos y probióticos y favorecer un enfoque preventivo orientado al bienestar animal.

Finalmente, esta revisión pone de manifiesto la necesidad de continuar desarrollando investigaciones con metodologías estandarizadas y enfoques integrales que permitan profundizar en la comprensión de la microbiota intestinal canina. Estudios longitudinales y multiómicos contribuirán a esclarecer las funciones específicas de los distintos microorganismos y su interacción con el hospedador. En conclusión, la microbiota intestinal se consolida como un eje central en la comprensión de la salud canina y como un campo de estudio prioritario para el avance de la medicina veterinaria basada en evidencia.

5. AGRADECIMIENTOS

A mis padres, por ser el pilar fundamental en cada paso de mi camino, les agradezco hoy su apoyo incondicional e impulso a perseguir el sueño que nació en mí desde pequeña. Su amor, comprensión y confianza han sido mi mayor fortaleza para no rendirme y seguir adelante con determinación.

A Juan Andrés Otalvaro Franco, por ser mi fuente de apoyo y motivación. Le agradezco siempre por su compañía en los días difíciles, por darme ánimo cuando el cansancio y la desmotivación parecían más fuertes que mis fuerzas, y por recordarme siempre la razón por la que elegí este camino. Tu inspiración y determinación me ha impulsado a seguir trabajando con dedicación y pasión para alcanzar lo que quiero.

6. DECLARACION DEL USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Declaro que durante la elaboración de este trabajo de monografía titulado “composición de la microbiota intestinal en perros clínicamente sanos: revisión de literatura científica.”, utilicé herramientas de inteligencia artificial generativa (ChatGPT de OpenAI y/o consensus.app) únicamente como apoyo para la organización de ideas, síntesis de información previamente seleccionada por mí, revisión de redacción y ortografía, como también para la búsqueda eficiente de artículos en relación a la temática de estudio.

El contenido científico, la selección y el análisis crítico de los artículos incluidos, así como la interpretación de los resultados y la redacción final del documento, fueron realizados bajo mi criterio personal y responsabilidad académica.

7. CONFLICTO DE INTERESES

El autor declara que no existe ningún conflicto de intereses que pueda haber influido en la realización, análisis o presentación de la información contenida en este trabajo de monografía.

8. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Inness, V. L., McCartney, A. L., Khoo, C., Gross, K. L., & Gibson, G. R. (2006). Molecular characterisation of the gut microflora of healthy and inflammatory bowel disease cats using fluorescence in situ hybridisation with special reference to *Desulfovibrio* spp. *FEMS Microbiology Ecology*, 46(3), 341-353. <https://doi.org/10.1111/j.15746941.2003.tb00986.x>

Janeczko, S., Atwater, D., Bogel, E., Greiter-Wilke, A., Gerold, A., Baumgart, M., Bender, H., McDonough, P. L., McDonough, S. P., Goldstein, R. E., & Simpson, K. W. (2007). The relationship of mucosal bacteria to duodenal histopathology, cytokine mRNA, and clinical disease activity in cats with inflammatory bowel disease. *Veterinary Microbiology*, 128(1-2), 178-193. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2007.09.014>

Wynn, S. G. (2009). Probiotics in veterinary practice. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 234(5), 606-613. <https://doi.org/10.2460/javma.234.5.606>

Jugan, M. C., Rudinsky, A. J., Parker, V. J., & Gilor, C. (2017). Use of probiotics in small animal veterinary medicine. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, 250(5), 519-526. <https://doi.org/10.2460/javma.250.5.519>

Frank, D. N., St. Amand, A. L., Feldman, R. A., Boedeker, E. C., Harpaz, N., & Pace, N. R. (2007). Molecular phylogenetic characterization of microbial community imbalances in human inflammatory bowel diseases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(34), 13780-13785. <https://doi.org/10.1073/pnas.0706625104>

Deng, P., & Swanson, K. S. (2014). Gut microbiota of humans, dogs and cats: Current knowledge and future

opportunities and challenges. *British Journal of Nutrition*, 113(S1), S6-S17.

<https://doi.org/10.1017/S0007114514002943>

Sanderson, S. L. (2013). Nutritional strategies in gastrointestinal disease. *Topics in Companion Animal Medicine*, 28(4), 170-175. <https://doi.org/10.1053/j.tcam.2013.09.004>

Oelschlaeger, T. A. (2010). Mechanisms of probiotic actions - A review. *International Journal of Medical Microbiology*, 300(1), 57-62. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2009.08.005>

Packey, C. D., & Sartor, R. B. (2009). Commensal bacteria, traditional and opportunistic pathogens, dysbiosis and bacterial killing in inflammatory bowel diseases. *Current Opinion in Infectious Diseases*, 22(3), 292-301.

<https://doi.org/10.1097/QCO.0b013e32832a8a5d>

Thomas, C. M., & Versalovic, J. (2010). Probiotics-host communication: Modulation of signaling pathways in the intestine. *Gut Microbes*, 1(3), 148-163. <https://doi.org/10.4161/gmic.1.3.11712>

Chudzik, A., Orzyłowska, A., Rola, R., & Stanisław, G. J. (2021). Probiotics, prebiotics and postbiotics on mitigation of depression symptoms: Modulation of the brain-gut-microbiome axis. *Nutrients*, 13(3), 1110.

<https://doi.org/10.3390/nu13031110>

Allenspach, K. (2011). Clinical immunology and immunopathology of the canine and feline intestine. *Veterinary Clinics of North America: Small Animal Practice*, 41(2), 345-360. <https://doi.org/10.1016/j.cvsm.2010.12.005>

Ansari, F., Neshat, M., Pourjafar, H., Jafari, S. M., Alian Samakkhah, S., & Mirzakhani, E. (2023). The role of probiotics and prebiotics in modulating of the gut-brain axis. *Frontiers in Nutrition*, 10, 1173660.

<https://doi.org/10.3389/fnut.2023.1173660>

De Vos, W. M., Tilg, H., Van Hul, M., & Cani, P. D. (2022). Gut microbiome and health: Mechanistic insights. *Gut*, 71(5), 1020-1032. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2021-326789>

Rowland, I., Gibson, G., Heinken, A., Scott, K., Swann, J., Thiele, I., & Tuohy, K. (2017). Gut microbiota functions: Metabolism of nutrients and other food components. *European Journal of Nutrition*, 57(1), 1-24. <https://doi.org/10.1007/s00394-017-1445-8>

Gramenzi, A., Clerico, L., Belà, B., Di Leonardo, M., Fusaro, I., & Pignataro, G. (2024). Modulation of Canine Gut Microbiota by Prebiotic and Probiotic Supplements: A Long-Term In Vitro Study Using a Novel Colonic Fermentation Model. *Animals : an Open Access Journal from MDPI*, 14. <https://doi.org/10.3390/ani14223342>.

Suchodolski, J. S., Dowd, S. E., Westermarck, E., Steiner, J. M., Wolcott, R. D., Spillmann, T., & Harmoinen, J. A. (2009). The effect of the macrolide antibiotic tylosin on microbial diversity in the canine small intestine as demonstrated by massive parallel 16S rRNA gene sequencing. *BMC Microbiology*, 9, 210. <https://doi.org/10.1186/1471-2180-9-210>

An, J.-U., Mun, S.-H., Kim, W.-H., Seong, J. K., Park, K., & Cho, S. (2025). Dynamics of the canine gut microbiota of a military dog birth cohort. *Frontiers in Microbiology*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1481567>

Hu, Q., Cheng, L., Cao, X., Shi, F., Ma, Y., Mo, L., Li, J., Zhu, S., & Liu, Z. (2024). Comparative analysis of gut microbiota of Chinese Kunming dog, German Shepherd dog, and Belgian Malinois dog. *Journal of Veterinary Science*, 25, e85. <https://doi.org/10.4142/jvs.25.e85>

Hernandez, J., Rhimi, S., Kriaa, A., Mariaule, V., Boudaya, H., Drut, A., Jablaoui, A., Mkaouar, H., Saidi, A., Biourge, V., Borgi, M. A., Rhimi, M., & Maguin, E. (2022). Domestic environment and gut microbiota: Lessons from pet dogs. *Microorganisms*, 10(949). <https://doi.org/10.3390/microorganisms10050949>

Rostaher, A., Morsy, Y., Favrot, C., Unterer, S., Schnyder, M., Scharl, M., & Fischer, N. (2022). Comparison of the Gut Microbiome between Atopic and Healthy Dogs—Preliminary Data. *Animals : an Open Access Journal from MDPI*, 12. <https://doi.org/10.3390/ani12182377>.

Pilla, R., & Suchodolski, J. S. (2019). The role of the canine gut microbiome and metabolome in health and gastrointestinal disease. *Frontiers in Veterinary Science*, 6, 498. <https://doi.org/10.3389/fvets.2019.00498>

Grzeškowiak, Ł., Endo, A., Beasley, S., & Salminen, S. (2015). Microbiota and probiotics in canine and feline welfare. *Nutrition Research Reviews*, 28(1), 92-104. <https://doi.org/10.1017/S0954422415000046>

Suchodolski, J. S. (2021). Analysis of the gut microbiome in dogs and cats. *Veterinary Clinical Pathology*, 50(6), 642-652. <https://doi.org/10.1111/vcp.13050>

Jiang, C., Cui, Z., Fan, P., & Du, G. (2022). Effects of dog ownership on the gut microbiota of elderly owners. *PLOS ONE*, 17(11), e0278105. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0278105>

Mondo, E., Marliani, G., Accorsi, P. A., Cocchi, M., & Di Leone, A. (2019). Role of gut microbiota in dog and cat's health and diseases. *Open Veterinary Journal*, 9(3), 253-258. <https://doi.org/10.4314/ovj.v9i3.6>

Balouei, F., Stefanon, B., Sgorlon, S., & Sandri, M. (2023). Factors affecting gut microbiota of puppies from birth to weaning. *Animals*, 13(578). <https://doi.org/10.3390/ani13040578>

Pereira, A. M., & Clemente, A. (2021). Dogs' Microbiome From Tip to Toe. *Topics in companion animal medicine*, 45, 100584. <https://doi.org/10.1016/j.tcam.2021.100584>

-Garrigues, Q., Apper, E., Chastant, S., & Mila, H. (2022). Gut microbiota development in the growing dog: A dynamic process influenced by maternal, environmental and host factors. *Frontiers in veterinary science*, 9, 964649.

<https://doi.org/10.3389/fvets.2022.964649>

-Honneffer, J. B., Minamoto, Y., & Suchodolski, J. S. (2014). Microbiota alterations in acute and chronic gastrointestinal inflammation of cats and dogs. *World journal of gastroenterology*, 20(44), 16489-16497.

<https://doi.org/10.3748/wjg.v20.i44.16489>

-Mondo, E., Marliani, G., Accorsi, P. A., Cocchi, M., & Di Leone, A. (2019). Role of gut microbiota in dog and cat's health and diseases. *Open veterinary journal*, 9(3), 253-258. <https://doi.org/10.4314/ovj.v9i3.10>

Huang, Z., Pan, Z., Yang, R., Bi, Y., & Xiong, X. (2020). The canine gastrointestinal microbiota: early studies and research frontiers. *Gut microbes*, 11(4), 635-654. <https://doi.org/10.1080/19490976.2019.1704142>

-Suchodolski J. S. (2022). Analysis of the gut microbiome in dogs and cats. *Veterinary clinical pathology*, 50 Suppl 1(Suppl 1), 6-17. <https://doi.org/10.1111/vcp.13031>

-Pilla, R., & Suchodolski, J. S. (2021). The Gut Microbiome of Dogs and Cats, and the Influence of Diet. *The Veterinary clinics of North America. Small animal practice*, 51(3), 605-621. <https://doi.org/10.1016/j.cvsm.2021.01.002>

-Blake, A. B., Guard, B. C., Honneffer, J. B., Lidbury, J. A., Steiner, J. M., & Suchodolski, J. S. (2019). Altered microbiota, fecal lactate, and fecal bile acids in dogs with gastrointestinal disease. *PloS one*, 14(10), e0224454. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0224454>

-Redfern, A., Suchodolski, J., & Jergens, A. (2017). Role of the gastrointestinal microbiota in small animal health and disease. *The Veterinary record*, 181(14), 370. <https://doi.org/10.1136/vr.103826>

Ziese, A., & Suchodolski, J. (2020). Impact of Changes in Gastrointestinal Microbiota in Canine and Feline

Digestive Diseases.. The Veterinary clinics of North America. Small animal practice.
<https://doi.org/10.1016/j.cvsm.2020.09.004>.

Pilla, R., & Suchodolski, J. (2020). The Role of the Canine Gut Microbiome and Metabolome in Health and Gastrointestinal Disease. *Frontiers in Veterinary Science*, 6. <https://doi.org/10.3389/fvets.2019.00498>.

Alessandri, G., Milani, C., Mancabelli, L., Mangifesta, M., Lugli, G., Viappiani, A., Duranti, S., Turrone, F., Ossiprandi, M., Van Sinderen, D., & Ventura, M. (2019). Metagenomic dissection of the canine gut microbiota: insights into taxonomic, metabolic and nutritional features. *Environmental Microbiology*, 21, 1331-1343.
<https://doi.org/10.1111/1462-2920.14540>.

Kang, A., Kwak, M., Choi, H., Son, S., Lim, S., Eor, J., Song, M., Kim, M., Kim, J., Yang, J., Lee, M., Kang, M., Oh, S., & Kim, Y. (2024). Integrative Analysis of Probiotic-Mediated Remodeling in Canine Gut Microbiota and Metabolites Using a Fermenter for an Intestinal Microbiota Model. *Food Science of Animal Resources*, 44, 1080 - 1095. <https://doi.org/10.5851/kosfa.2024.e41>.

Belà, B., Coman, M., Verdenelli, M., Gramenzi, A., Pignataro, G., Fiorini, D., & Silvi, S. (2024). In Vitro Assessment of Postbiotic and Probiotic Commercial Dietary Supplements Recommended for Counteracting Intestinal Dysbiosis in Dogs. *Veterinary Sciences*, 11. <https://doi.org/10.3390/vetsci11010019>.

Deschamps, C., Humbert, D., Chalançon, S., Achard, C., Apper, E., Denis, S., & Blanquet-Diot, S. (2024). Large intestinal nutritional and physicochemical parameters from different dog sizes reshape canine microbiota structure and functions in vitro. *Bioengineered*, 15. <https://doi.org/10.1080/21655979.2024.2325713>.

Cassmann, E., White, R., Atherly, T., Wang, C., Sun, Y., Khoda, S., Mosher, C., Ackermann, M., & Jergens, A. (2016). Alterations of the Ileal and Colonic Mucosal Microbiota in Canine Chronic Enteropathies. *PLoS ONE*, 11. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0147321>.

Xu, H., Huang, W., Hou, Q., Kwok, L., Laga, W., Wang, Y., , H., Sun, Z., & Zhang, H. (2019). Oral Administration of Compound Probiotics Improved Canine Feed Intake, Weight Gain, Immunity and Intestinal Microbiota. *Frontiers in Immunology*, 10. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2019.00666>.

Hooda, S., Minamoto, Y., Suchodolski, J., & Swanson, K. (2012). Current state of knowledge: the canine gastrointestinal microbiome. *Animal Health Research Reviews*, 13, 78 - 88. <https://doi.org/10.1017/S1466252312000059>.

Deschamps, C., Denis, S., Humbert, D., Priymenko, N., Chalançon, S., De Bodt, J., Van De Wiele, T., Ipharraguerre, I., Alvarez-Acero, I., Achard, C., Apper, E., & Blanquet-Diot, S. (2024). Canine Mucosal Artificial Colon: development of a new colonic in vitro model adapted to dog sizes. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 108. <https://doi.org/10.1007/s00253-023-12987-2>.

Suchodolski, J. (2021). Analysis of the gut microbiome in dogs and cats. *Veterinary Clinical Pathology*, 50, 6 - 17. <https://doi.org/10.1111/vcp.13031>.

Morelli, G., Patuzzi, I., Losasso, C., Ricci, A., Contiero, B., Andrighetto, I., & Ricci, R. (2022). Characterization of intestinal microbiota in normal weight and overweight Border Collie and Labrador Retriever dogs. *Scientific Reports*, 12. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-13270-6>.

Alessandri, G., Argentini, C., Milani, C., Turrone, F., Ossiprandi, M., Van Sinderen, D., & Ventura, M. (2020). Catching a glimpse of the bacterial gut community of companion animals: a canine and feline perspective. *Microbial Biotechnology*, 13, 1708 - 1732. <https://doi.org/10.1111/1751-7915.13656>.

Kubinyi, E., Rhali, S., Sándor, S., Szabó, A., & Felföldi, T. (2020). Gut Microbiome Composition is Associated with Age and Memory Performance in Pet Dogs. *Animals : an Open Access Journal from MDPI*, 10.

<https://doi.org/10.3390/ani10091488>.

An, J., Mun, S., Kim, W., Seong, J., Park, K., & Cho, S. (2025). Dynamics of the canine gut microbiota of a military dog birth cohort. *Frontiers in Microbiology*, 16. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1481567>.

Masuoka, H., Shimada, K., Kiyosue-Yasuda, T., Kiyosue, M., Oishi, Y., Kimura, S., Yamada, A., & Hirayama, K. (2016). Transition of the intestinal microbiota of dogs with age. *Bioscience of Microbiota, Food and Health*, 36, 27 - 31. <https://doi.org/10.12938/bmfh.BMFH-2016-021>.

Schmitz, S., & Suchodolski, J. (2016). Understanding the canine intestinal microbiota and its modification by pro-, pre- and synbiotics - what is the evidence?. *Veterinary Medicine and Science*, 2, 71 - 94.

<https://doi.org/10.1002/vms3.17>.

Suchodolski, J. (2011). COMPANION ANIMALS SYMPOSIUM: Microbes and gastrointestinal health of dogs and cats1. *Journal of Animal Science*, 89, 1520 - 1530. <https://doi.org/10.2527/jas.2010-3377>.

You, I., & Kim, M. (2021). Comparison of Gut Microbiota of 96 Healthy Dogs by Individual Traits: Breed, Age, and Body Condition Score. *Animals : an Open Access Journal from MDPI*, 11.

<https://doi.org/10.3390/ani11082432>.

Abdi, R., Datta, S., Zawar, A., & Kafle, P. (2025). Evaluation of extended-spectrum β -lactamase producing bacteria in feces of shelter dogs as a biomarker for altered gut microbial taxa and functional profiles. *Frontiers in Microbiology*, 16. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1556442>.

Chun, J., Ji, S., Lee, S., Lee, Y., Kim, B., & Kim, K. (2020). Difference of gut microbiota composition based on the body condition scores in dogs. *Journal of Animal Science and Technology*, 62, 239 - 246. <https://doi.org/10.5187/jast.2020.62.2.239>.

García-Belenguer, S., Grasa, L., Valero, O., Palacio, J., Luño, I., & Rosado, B. (2021). Gut Microbiota in Canine Idiopathic Epilepsy: Effects of Disease and Treatment. *Animals : an Open Access Journal from MDPI*, 11. <https://doi.org/10.3390/ani11113121>.

Song, H., Lee, J., Yi, S., Kim, W., Kim, Y., Namgoong, B., Choe, A., Cho, G., Shin, J., Park, Y., Kim, M., & Cho, S. (2023). Red Ginseng Dietary Fiber Shows Prebiotic Potential by Modulating Gut Microbiota in Dogs. *Microbiology Spectrum*, 11. <https://doi.org/10.1128/spectrum.00949-23>.

Li, Z., Sun, Q., Li, Y., Guan, Z., Wei, J., Li, B., Liu, K., Shao, D., Mi, R., Liu, H., Qiu, Y., & , Z. (2022). Analysis and Comparison of Gut Microbiome in Young Detection Dogs. *Frontiers in Microbiology*, 13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.872230>.

Kim, K., Kim, S., & Kim, J. (2023). A pilot study of alterations of the gut microbiome in canine chronic kidney disease. *Frontiers in Veterinary Science*, 10. <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1241215>.

Atuahene, D., Zuniga-Chaves, I., Martello, E., Stefanon, B., Suen, G., Balouei, F., & Meineri, G. (2024). The Canine Gut Health: The Impact of a New Feed Supplement on Microbiota Composition. *Animals : an Open Access Journal from MDPI*, 14. <https://doi.org/10.3390/ani14081189>.

Li, Q., Larouche-Lebel, É., Loughran, K., Huh, T., Suchodolski, J., & Oyama, M. (2021). Gut Dysbiosis and Its Associations with Gut Microbiota-Derived Metabolites in Dogs with Myxomatous Mitral Valve Disease. *mSystems*, 6. <https://doi.org/10.1128/mSystems.00111-21>.

Vilson, Å., Ramadan, Z., Li, Q., Hedhammar, Å., Reynolds, A., Spears, J., Labuda, J., Pelker, R., Björkstén, B., Dicksved, J., & Hansson-Hamlin, H. (2018). Disentangling factors that shape the gut microbiota in German Shepherd dogs. *PLoS ONE*, 13. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0193507>.

Jiang, C., Cui, Z., Fan, P., & Du, G. (2022). Effects of dog ownership on the gut microbiota of elderly owners. *PLOS ONE*, 17. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0278105>.

Beretta, S., Apparício, M., Toniollo, G., & Cardozo, M. (2023). The importance of the intestinal microbiota in humans and dogs in the neonatal period. *Animal Reproduction*, 20. <https://doi.org/10.1590/1984-3143AR20230082>.

Alessandri, G., Milani, C., Mancabelli, L., et al. (2019). Metagenomic dissection of the canine gut microbiota. *Environmental Microbiology*, 21, 1331-1343. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.14540>

Hooda, S., Minamoto, Y., Suchodolski, J. S., & Swanson, K. S. (2012). The canine gastrointestinal microbiome. *Animal Health Research Reviews*, 13, 78-88. <https://doi.org/10.1017/S1466252312000059>

Vilson, Å., et al. (2018). Disentangling factors that shape the gut microbiota in German Shepherd dogs. *PLoS ONE*, 13. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0193507>

You, I., & Kim, M. (2021). Comparison of gut microbiota of 96 healthy dogs. *Animals*, 11. <https://doi.org/10.3390/ani11082432>

Masuoka, H., et al. (2016). Transition of the intestinal microbiota of dogs with age. *Bioscience of Microbiota, Food and Health*, 36, 27-31. <https://doi.org/10.12938/bmfh.BMFH-2016-021>

Chun, J., et al. (2020). Gut microbiota composition based on body condition scores in dogs. *Journal of Animal*

Science and Technology, 62, 239-246. <https://doi.org/10.5187/jast.2020.62.2.239>

Morelli, G., et al. (2022). Intestinal microbiota in normal weight and overweight dogs. Scientific Reports, 12. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-13270-6>

Garrigues, Q., et al. (2022). Gut microbiota development in growing dogs. Frontiers in Veterinary Science, 9. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.964649>

Balouei, F., et al. (2023). Factors affecting gut microbiota of puppies. Animals, 13. <https://doi.org/10.3390/ani13040578>

Schmitz, S., & Suchodolski, J. (2016). Modification of canine microbiota by probiotics. Veterinary Medicine and Science, 2, 71-94. <https://doi.org/10.1002/vms3.17>