

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN ANTONIO ABAD DEL CUSCO
FACULTAD DE AGRONOMÍA Y ZOOTECNIA
ESCUELA PROFESIONAL DE ZOOTECNIA



TESIS

**EVALUACIÓN ANATÓMICA, HISTOLÓGICA Y MICROBIANA DEL TRACTO
DIGESTIVO Y SACO CIEGO DEL CUY (*Cavia Porcellus*) EN DIFERENTES
EDADES**

PRESENTADO POR:

Br. FIORELA TALIA CHOQUE BELTRAN

Br. MARCELA PATRICIA MARTINEZ PEÑA

**PARA OPTAR AL TÍTULO PROFESIONAL DE
INGENIERO ZOOTECNISTA**

ASESORES:

ING. PHD. GONZALO WLADIMIR GONZALES
APARICIO

MV. PHD. MANUEL JOSE MORE MONTOYA

**FINANCIADO POR EL PROGRAMA
“YACHAYNINCHIS WIÑARINANPAQ” – UNSAAC**

CUSCO – PERÚ

2025



Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco

INFORME DE SIMILITUD

(Aprobado por Resolución Nro.CU-321-2025-UNSAAC)

El que suscribe, el Asesor Ing. Ph.D. GONZALO WLADIMIR GONZALES
APARICIO quien aplica el software de detección de similitud al
trabajo de investigación/tesis titulada: EVALUACION ANATOMICA, HISTOLOGICA
Y MICROBIANA DEL TRACTO DIGESTIVO Y SACO CIEGO DEL CUY
(Cavia porcellus) EN DIFERENTES EDADES

Presentado por: FLOROLA TALIA CHOQUE BELTRAN DNI N° 62753900 ;
presentado por: MARCELA PATRICIA MARTINEZ PEÑA DNI N°: 76317850
Para optar el título Profesional/Grado Académico de INGENIERO ZOOTECNISTA

Informo que el trabajo de investigación ha sido sometido a revisión por 02 veces, mediante el
Software de Similitud, conforme al Art. 6° del **Reglamento para Uso del Sistema Detección de
Similitud en la UNSAAC** y de la evaluación de originalidad se tiene un porcentaje de 8%.

Evaluación y acciones del reporte de coincidencia para trabajos de investigación conducentes a grado académico o título profesional, tesis

Porcentaje	Evaluación y Acciones	Marque con una (X)
Del 1 al 10%	No sobrepasa el porcentaje aceptado de similitud.	<u>X</u>
Del 11 al 30 %	Devolver al usuario para las subsanaciones.	
Mayor a 31%	El responsable de la revisión del documento emite un informe al inmediato jerárquico, conforme al reglamento, quien a su vez eleva el informe al Vicerrectorado de Investigación para que tome las acciones correspondientes; Sin perjuicio de las sanciones administrativas que correspondan de acuerdo a Ley.	

Por tanto, en mi condición de Asesor, firmo el presente informe en señal de conformidad y **adjunto**
las primeras páginas del reporte del Sistema de Detección de Similitud.

Cusco, 04 de NOVIEMBRE de 20 25


Firma

Post firma GONZALO WLADIMIR GONZALES APARICIO

Nro. de DNI. 41285829

ORCID del

Asesor. 0000 - 0002 - 4682 - 6591


Firma

Post firma MANUEL JOSE MORE MONTAYA

Nro. de DNI. 47302787

ORCID del Asesor. 0000 - 0001 - 8677 - 993X

Se adjunta:

- Reporte generado por el Sistema Antiplagio.
- Enlace del Reporte Generado por el Sistema de Detección de Similitud: **oid:** 27259: 519552491

TESIS EVALUACIÓN ANATÓMICA, HISTOLÓGICA Y MICROBIANA DEL TRACTO DIGESTIVO Y SACO CIEGO DEL C...

 Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco

Detalles del documento

Identificador de la entrega

trn:oid:::27259:519552491

Fecha de entrega

28 oct 2025, 3:39 p.m. GMT-5

Fecha de descarga

28 oct 2025, 3:56 p.m. GMT-5

Nombre del archivo

TESIS EVALUACIÓN ANATÓMICA, HISTOLÓGICA Y MICROBIANA DEL TRACTO DIGESTIVO Y SACOpdf

Tamaño del archivo

2.8 MB

133 páginas

33.844 palabras

171.764 caracteres

8% Similitud general

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

Filtrado desde el informe

- Bibliografía
- Texto citado
- Texto mencionado
- Coincidencias menores (menos de 12 palabras)

Exclusiones

- N.º de coincidencias excluidas

Fuentes principales

- 8%  Fuentes de Internet
- 4%  Publicaciones
- 7%  Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Marcas de integridad

N.º de alertas de integridad para revisión

-  **Caracteres reemplazados**
402 caracteres sospechosos en N.º de páginas
Las letras son intercambiadas por caracteres similares de otro alfabeto.
-  **Texto oculto**
6 caracteres sospechosos en N.º de página
El texto es alterado para mezclarse con el fondo blanco del documento.

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

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

DEDICATORIA

A mis queridos padres, Patricia y Marcelo, por su amor infinito, por cada sacrificio entregado con generosidad y por ser siempre mi guía y refugio en cada etapa de mi vida. Sus enseñanzas, su cariño y su apoyo constante han sido el cimiento de todo lo que soy.

A mi querida abuela Florencia, a mis tíos Ninoska y Vladimir, y a mis padrinos Yali y Ramiro, por su presencia constante, su cariño sincero, por cada consejo entregado desde el corazón y por brindarme un amor que ha sido siempre tan necesario como valioso.

Gracias a todos ustedes por cada palabra de aliento, por creer en mí y por estar presentes en cada paso de mi vida. Los amo con todo mi corazón.

Fiorela Talia Choque Beltran

A mis abuelos, Celia y Zenón, por ser un pilar de amor, sabiduría y fortaleza en mi vida. Sus enseñanzas y su cariño han dejado una huella imborrable en mi corazón y me acompañarán siempre.

A mi madre, Giovanna, por su aliento constante que me impulsó a seguir adelante aun en los momentos más difíciles. Su amor infinito, sacrificio y dedicación me han mostrado el verdadero significado de la entrega, la perseverancia y la bondad.

Gracias por ser mi familia, mi refugio y mi motor. Los amo con todo mi ser.

Marcela Patricia Martinez Peña

AGRADECIMIENTOS

A Dios por guiarnos, darnos la fortaleza y sabiduría para no rendirnos a lo largo de la carrera.

A nuestros hermanos y familiares por el apoyo incondicional, comprensión y cariño que nos brindaron a lo largo de nuestra vida universitaria.

A la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco (UNSAAC) por el apoyo financiero brindado a través del Programa “Yachayninchis Wiñarinampaq” que permitió la realización de esta investigación denominada “Evaluación de las características anatómicas y funcionales del tracto digestivo y saco ciego del cuy de diferentes edades”. A la Escuela Profesional de Zootecnia y a sus distinguidos docentes por el apoyo, dedicación y compromiso.

A nuestro asesor PhD. Gonzalo W. Gonzales Aparicio por su paciencia, conocimiento, orientación y compromiso los cuales fueron fundamentales para el desarrollo de esta investigación, así mismo, por brindarnos su amistad incondicional, su compromiso con la excelencia académica y científica nos ha inspirado a dar siempre lo mejor de nosotras.

Al Dr. Edgar A. Valdez Gutierrez e Ing. Fiorella Guzmán Figueroa por permitirnos hacer uso del laboratorio institucional de investigación de “Sanidad Animal M.V. Atilio Pacheco” de la Escuela Profesional de Zootecnia- UNSAAC, lugar donde se realizó parte del trabajo de investigación, por el apoyo, guía, por los consejos y recomendaciones para llevar a cabo la investigación.

Al PhD. Juan E. Moscoso Muñoz por darnos disposición de su laboratorio “Fisiología y evaluación sanitaria”.

A nuestro compañero René por capacitarnos en la ejecución de nuestra investigación.

A nuestros queridos amigos por su amistad, motivación, compañía y colaboración durante nuestra etapa universitaria y desarrollo de nuestra investigación.

ÍNDICE

GLOSARIO DE TÉRMINOS

RESUMEN	1
ABSTRACT.....	2
I. INTRODUCCIÓN	3
II. PROBLEMA OBJETO DE ESTUDIO	5
2.1. IDENTIFICACIÓN DEL PROBLEMA OBJETO DE INVESTIGACIÓN	5
2.2. PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN	6
2.2.1. PREGUNTA GENERAL	6
2.2.2. PREGUNTAS ESPECÍFICAS.....	6
III. OBJETIVOS Y JUSTIFICACIÓN	7
3.1. OBJETIVOS	7
3.1.1. OBJETIVO GENERAL	7
3.1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	7
3.2. JUSTIFICACIÓN.....	8
IV. HIPÓTESIS	10
4.1. HIPÓTESIS DE INVESTIGACIÓN.....	10
4.1.1. HIPÓTESIS GENERAL	10
V. MARCO TEÓRICO	11
5.1. GENERALIDADES DEL CUY	11
5.2. TAXONOMÍA DEL CUY	11

5.3. ANATOMÍA Y FISIOLÓGÍA DEL TRACTO DIGESTIVO DEL CUY..	12
5.3.1. ESÓFAGO	13
5.3.2. ESTÓMAGO	13
5.3.3. INTESTINO DELGADO	14
5.3.4. INTESTINO GRUESO	15
5.3.5. CIEGO	16
5.3.6. COLON	16
5.3.7. RECTO	17
5.4. VARIACIÓN DE LA FUNCIÓN DIGESTIVA EN RELACIÓN A LA EDAD	17
5.5. HISTOLOGÍA Y CARACTERÍSTICAS DE ÓRGANOS DEL TRACTO DIGESTIVO	18
5.6. TÉCNICAS HISTOLÓGICAS PARA EL ESTUDIO DEL TRACTO DIGESTIVO	19
5.6.1. FIJACIÓN DE TEJIDOS	19
5.6.2. DESHIDRATACIÓN Y ACLARAMIENTO DE LA MUESTRA....	19
5.6.3. INCLUSIÓN DE PARAFINA.....	20
5.6.4. CORTES HISTOLÓGICOS	20
5.6.5. TINCIÓN DE MUESTRAS	20
5.6.6. DESHIDRATACIÓN	21
5.6.7. MONTAJE	21
5.7. ESTUDIO HISTOLÓGICO DEL TRACTO DIGESTIVO DEL CUY	21

5.7.1.	INFLUENCIA DE LA EDAD EN LAS CARACTERÍSTICAS HISTOLÓGICAS DEL TRACTO DIGESTIVO DE CUYES	22
5.8.	MICROBIOMA INTESTINAL	22
5.8.1.	IMPORTANCIA DEL MICROBIOMA EN LA FUNCIÓN DIGESTIVA.....	22
5.8.2.	MICROBIOMA DEL SACO CIEGO	23
5.8.3.	IMPORTANCIA DE LOS FILOS BACTERIALES EN LA DIGESTIÓN	24
5.9.	MÉTODOS PARA EL ESTUDIO DE MICROBIOMA.....	26
5.9.1.	CULTIVOS BACTERIALES	26
5.9.2.	SECUENCIACIÓN 16S	28
5.10.	INFLUENCIA DE LA EDAD Y LA DIETA EN EL MICROBIOMA DEL SACO CIEGO.....	30
VI.	MATERIALES Y MÉTODOS	35
6.1.	ÁMBITO DE ESTUDIO	35
6.1.1.	LUGAR Y TIEMPO DE ESTUDIO	35
6.1.2.	CARACTERÍSTICAS GEOGRÁFICAS	35
6.1.3.	CARACTERÍSTICAS DE LAS INSTALACIONES	35
6.2.	MATERIALES Y EQUIPOS	35
6.2.1.	MATERIAL BIOLÓGICO.....	35
6.2.2.	MATERIALES DE LABORATORIO Y CAMPO	37
6.2.3.	REACTIVOS	38
6.2.4.	EQUIPOS DE LABORATORIO	39

6.2.5.	SOFTWARE EMPLEADO	39
6.3.	TIPO DE INVESTIGACIÓN	39
6.4.	MÉTODOS.....	39
6.4.1.	MÉTODOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS.....	39
6.5.	VARIABLES DE ESTUDIO	42
6.5.1.	VARIABLES EXPLICATIVAS	42
6.5.2.	VARIABLES RESPUESTA	43
6.6.	MÉTODOS PARA EL ANÁLISIS ESTADÍSTICO DE DATOS	43
VII.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	44
7.1.	PESO DEL TUBO DIGESTIVO Y PROPORCIÓN DEL INTESTINO DELGADO Y SACO CIEGO A DIFERENTES EDADES.....	44
7.2.	ESTRUCTURA HISTOLÓGICA DEL ESTÓMAGO, DUODENO Y DEL SACO CIEGO DE CUYES EN DIFERENTES EDADES EVALUADOS.....	52
7.2.1.	ESTRUCTURA HISTOLÓGICA DEL ESTÓMAGO DE CUYES EVALUADOS.....	53
7.2.2.	ESTRUCTURA HISTOLÓGICA DEL DUODENO DE CUYES...	57
7.2.3.	ESTRUCTURA HISTOLÓGICA DEL CIEGO DE CUYES	60
7.3.	COMPOSICIÓN MICROBIOLÓGICA DEL CONTENIDO CECAL EN CUYES DE DIFERENTES EDADES	62
VIII.	CONCLUSIONES.....	68
IX.	RECOMENDACIONES	69
X.	BIBLIOGRAFÍA	70
XI.	ANEXOS	79

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Taxonomía del cuy (<i>Cavia porcellus</i>)	12
Tabla 2. Distribución de cuyes por grupo etario y sexo	36
Tabla 3. Composición química del de forraje verde (asociado de Rye Grass italiano y alfalfa)	37
Tabla 4. Composición química del alimento balanceado comercial (Tomasino)	37
Tabla 5. Protocolo de procesamiento para corte histológico de los tejidos del tracto digestivo del cuy	42
Tabla 6. Características de pesos y proporciones del tracto digestivo, intestino delgado y saco ciego del cuy en diferentes edades.	45
Tabla 7. Características histológicas del estómago, duodeno y saco ciego del cuy en diferentes edades	54
Tabla 8. Porcentaje de microorganismos del filo Bacteroidota presentes en el saco ciego de cuyes, de acuerdo a los grupos etarios evaluados ...	63
Tabla 9. Porcentaje de microorganismos del filo Euryarchaeota presentes en el saco ciego de cuyes, de acuerdo a los grupos etarios evaluados ...	64
Tabla 10. Porcentaje de microorganismos del filo Firmicutes presentes en el saco ciego de cuyes, de acuerdo a los grupos etarios evaluados	66

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Etapas a seguir en el proceso de identificación bacteriana mediante secuenciación del ADNr 16S.....	29
Figura 2. Composición taxonómica de los diez filos principales en tres diferentes razas de cuy.....	31
Figura 3. Representación de los porcentajes de abundancia relativa de los dos filos principales presentes en grupos de cuyes evaluados por Frías et al. (2023b).....	33
Figura 4.Desarrollo del tracto digestivo y sus componentes (intestino delgado y saco ciego) del cuy en de diferentes edades.....	51
Figura 5.Proporción de intestino delgado y saco ciego en relación al peso vivo del cuy en diferentes edades evaluadas.....	51
Figura 6. Proporción del intestino delgado y saco ciego en relación al tracto digestivo del cuy en diferentes edades evaluadas.....	52
Figura 7. Corte histológico del estómago del cuy a la edad de 116 días...	57
Figura 8. Crecimiento de vellosidades del duodeno de cuyes evaluados en función de la edad.....	59
Figura 9. Corte histológico del duodeno del cuy a la edad de 21 días.....	59
Figura 10.Crecimiento bacteriano de la Bacteriodota, Euyarchaeota y Firmicutes de cuyes machos en diferentes edades evaluadas.....	67

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1. Procedimiento para la elaboración de tacos	80
Anexo 2. Procedimiento para coloración de tejidos histológicos	81
Anexo 3. Tiempos establecidos para coloración de tejidos	82
Anexo 4. Panel fotográfico de la anatomía del cuy	83
Anexo 5. Panel fotográfico del procesamiento histológico	84
Anexo 6. Líneas de comando para el análisis de varianza de “peso del tracto digestivo”	85
Anexo 7. Líneas de comando para el análisis de varianza de “proporción del intestino delgado en relación al peso vivo”	94
Anexo 8. Líneas de comando para el análisis de varianza del “estómago túnica mucosa”	101
Anexo 9. Líneas de comando para el análisis de varianza de “vellosidades del duodeno”	108
Anexo 10. Líneas de comando para el análisis de varianza de “filo Bacteroidota”	115

GLOSARIO DE TÉRMINOS

Capacidad sacrolítica: Habilidad de fermentar azúcares complejos.

Cecotrofia: Reingestión de heces blandas para aprovechar nutrientes.

Enterotoxemia clostridial: Enfermedad causada por toxinas de Clostridium.

Fermentación anaeróbica: Descomposición microbiana sin oxígeno, común en el saco ciego.

Fijador: Sustancia que preserva tejidos para estudio histológico.

Filiación: Registro de la ascendencia y descendencia de los animales.

Glándulas mucosas: Producen moco protector en el tubo digestivo.

Índice Shannon: Miden la diversidad del microbiota.

Índices Chao1: Miden la riqueza del microbiota.

Lisozima: Enzima que destruye bacterias al romper su pared celular.

Mucosecretantes: Células que secretan moco, como las caliciformes.

OTUs: Grupos microbianos usados para estimar diversidad.

Peritoneo: Membrana que recubre los órganos abdominales.

Quimo: Contenido semilíquido del estómago en digestión.

Segmentación y peristaltismo: Movimientos intestinales que mezclan y movilizan el quimo.

Tejido linfoide: Células inmunitarias asociadas al intestino.

RESUMEN

El presente estudio tuvo como objetivo evaluar las características anatómicas y funcionales del tracto digestivo y saco ciego del cuy (*Cavia porcellus*) en diferentes edades, para lo cual se analizó su desarrollo mediante mediciones anatómicas e histológicas del estómago, duodeno y saco ciego, además de análisis microbiológicos del contenido cecal en machos, utilizando 48 cuyes de línea comercial 1 (manto rojo), 50% machos y 50% hembras, distribuidos en seis grupos etarios (1, 7, 10, 14, 21 y 116 días de edad). Los resultados mostraron un crecimiento progresivo y significativo del peso corporal y de los órganos digestivos. El peso vivo aumentó de 137.48 g en recién nacidos a 798.3 g en adultos. El intestino delgado creció de 4.33 g a 35.57 g; su proporción respecto al peso vivo fue 3.19% al día 1 y se estabilizó en 5% desde el día 7, mientras el saco ciego adquiría un rol dominante. El saco ciego, principal órgano fermentador, mostró un incremento continuo desde los 14 días (26.23 g) hasta 75.22 g a los 116 días, representando 11.82% del peso vivo a los 21 días. Histológicamente, la túnica mucosa del estómago aumentó de 178.53 μm a 336.88 μm ; las vellosidades del duodeno de 368.73 μm a 478.03 μm , y la lámina muscular del saco ciego de 7.65 μm a 10.06 μm . El microbioma cecal mostró disminución de Bacteroidota y aumento de Firmicutes. A los 14 días el cuy alcanza madurez funcional, siendo óptimo para el destete.

Palabras clave: Histología, Microbioma cecal, *Bacteroidota*, *Firmicutes*.

ABSTRACT

The present study aimed to evaluate the anatomical and functional characteristics of the digestive tract and cecum of the guinea pig (*Cavia porcellus*) at different ages. Its development was analyzed through anatomical and histological measurements of the stomach, duodenum, and cecum, as well as microbiological analyses of the cecal content in males, using 48 guinea pigs of commercial line 1 (red coat), 50% males and 50% females, distributed into six age groups (1, 7, 10, 14, 21, and 116 days of age). The results showed a progressive and significant ($p < 0.05$) increase in body weight and digestive organs. Live weight rose from 137.48 g in newborns to 798.3 g in adults. The small intestine grew from 4.33 g to 35.57 g; its proportion relative to live weight was 3.19% on day 1 and stabilized at 5% from day 7, while the cecum acquired a dominant role. The cecum, the main fermentative organ, showed a continuous increase from 14 days (26.23 g) to 75.22 g at 116 days, representing 11.82% of live weight at 21 days. Histologically, the gastric mucosal layer increased from 178.53 μm to 336.88 μm ; duodenal villi grew from 368.73 μm to 478.03 μm , and the muscular lamina of the cecum from 7.65 μm to 10.06 μm . The cecal microbiome showed a decrease in *Bacteroidota* and an increase in *Firmicutes*. At 14 days of age, the guinea pig reaches functional digestive maturity, making this the optimal time for weaning.

Keywords: Histology, Cecal microbiome, *Bacteroidota*, *Firmicutes*.

I. INTRODUCCIÓN

El cuy (*Cavia porcellus*) es un herbívoro monogástrico de gran relevancia en la alimentación y economía de diversas regiones, especialmente en países andinos. El cuy posee dos tipos de digestión: un estómago donde inicia su proceso de digestión enzimática y un ciego funcional donde se realiza la fermentación bacteriana, es fundamental para la degradación de fibras y el aprovechamiento de los nutrientes. Además, esta especie realiza cecotrofia para poder aprovechar y reutilizar el nitrógeno, permitiéndoles mejorar el comportamiento productivo con racionamientos medios y bajos de proteína (Chauca, 1997). El ciego desempeña un papel crucial en la producción de ácidos grasos volátiles (AGV), fuente principal de energía para esta especie, lo que resalta la importancia de comprender su desarrollo anatómico y funcional en distintas etapas de vida (Jara *et al.*, 2018).

Según la anatomía gastrointestinal es un fermentador post- gástrico ya que posee microorganismos en el ciego (Chauca, 1997). Cuando nacen se encuentran en un estado avanzado de maduración, tienden a tener un corto periodo de lactancia y ya empiezan a ingerir alimentos preparando al ciego para su función digestiva de adulto (Vivas, 2013).

Se ha observado que el ciego completa su proceso de rotación y desarrollo alrededor de la primera semana de vida, adquiriendo su forma definitiva entre la primera y segunda semana. Durante este periodo, el ciego se extiende de izquierda a derecha, y a las ocho semanas alcanza una longitud promedio de 23.1 cm y un diámetro externo mayor de 4.8 cm (Jara *et al.*, 2018).

Los estudios vinculados al ciego en cuyes reportan que existe una interacción del microbioma con el desarrollo del ciego, Frías *et al.* (2023b) indica que unos de los principales filos encontrados en cuyes sometidos a ayuno son los *Bacteroidetes* y *Firmicutes*, además esta relación se ve influenciada por la raza (Frias *et al.*, 2023a) confirmando la abundancia de estos filos con el estudio de Romero (2024), destacando su importancia para las diversas funciones metabólicas y un adecuado desarrollo del cuy.

Las investigaciones sobre las características anatómicas y funcionales del tracto digestivo y del saco ciego del cuy en relación con la edad son limitadas. Por ello, para optimizar su manejo nutricional, es fundamental comprender en detalle su anatomía y fisiología, especialmente su sistema digestivo, ya que este conocimiento es clave para garantizar y optimizar su desarrollo. Los estudios que analizan la anatomía del sistema digestivo del cuy, con énfasis en el saco ciego, se enfocan en comparaciones anatómicas a lo largo de diferentes etapas de desarrollo. Por ello, el presente trabajo de investigación tiene como objetivo realizar comparaciones anatómicas y fisiológicas en distintas etapas del desarrollo de 1 día, 7, 10, 14, 21 y 116 días de edad. Esta evaluación busca aportar información que permita optimizar el manejo del destete, promoviendo un desarrollo digestivo adecuado y un mejor bienestar animal.

II. PROBLEMA OBJETO DE ESTUDIO

2.1. IDENTIFICACIÓN DEL PROBLEMA OBJETO DE INVESTIGACIÓN

La producción de cuyes (*Cavia porcellus*) ha consolidado su importancia social, económica y alimentaria en varias regiones, especialmente en los países andinos. Según el Ministerio de desarrollo Agrario y Riego; Instituto Nacional de Innovación Agraria (2020) en el Perú, esta actividad ha crecido de manera notable, involucrando a más de 800 mil familias y alcanzando una producción de alrededor de 18 millones de animales. Sin embargo, a pesar de este crecimiento y de los avances en la tecnificación de los sistemas productivos, todavía existen limitaciones importantes en el manejo de esta especie.

El principal problema que origina estas limitaciones es la escasa información clara y organizada sobre las características del aparato digestivo del cuy y, en especial, del saco ciego en sus diferentes etapas de crecimiento. La falta de un conocimiento detallado sobre cómo cambia su sistema digestivo a lo largo de la vida dificulta la mejora de las prácticas de crianza.

En particular, la ausencia de datos sobre el desarrollo del sistema digestivo impide definir con precisión la edad más adecuada para el destete. Esta etapa es crítica para el cuy, ya que implica un cambio brusco de la leche materna hacia el consumo de alimento sólido, lo que genera un alto nivel de estrés. Si el destete se realiza en un momento inadecuado, puede afectar negativamente el crecimiento, la salud y la calidad de los reproductores.

El cuy es un animal herbívoro monogástrico, cuya digestión depende en gran medida del saco ciego. En este órgano, gracias a la acción de los microorganismos intestinales, se lleva a cabo la fermentación de la fibra y la absorción de nutrientes clave para su desarrollo. No obstante, los cambios en el aparato digestivo y en el saco ciego según la edad han sido poco estudiados. Esta falta de información genera pérdidas económicas y eleva la mortalidad de los animales.

Por ello, es necesario investigar los cambios anatómicos, histológicos y la composición del microbioma cecal del cuy en distintas edades, ya que este

conocimiento permitirá mejorar la alimentación, definir el momento adecuado del destete y lograr un mejor desarrollo digestivo, mejorar el bienestar animal y una producción más sostenible. En este contexto, el presente estudio se enfoca en tres aspectos: (1) estudiar la evolución del peso del tubo digestivo y el porcentaje que representa el intestino delgado y saco ciego, (2) Evaluación de las características histológicas del estómago, duodeno y saco ciego del cuy en función de la edad y (3) el análisis microbiológico del contenido cecal de bacterias anaeróbicas en diferentes edades (1,7,10, 14, 21 y 116 días).

2.2. PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN

2.2.1. PREGUNTA GENERAL

¿Cuáles son las características anatómicas y funcionales del tracto digestivo y saco ciego del cuy en diferentes edades?

2.2.2. PREGUNTAS ESPECÍFICAS

- a. ¿Cómo cambian las características anatómicas del tracto digestivo y saco ciego del cuy en diferentes edades?
- b. ¿Qué cambios se dan en las características histológicas del estómago, duodeno y saco ciego del cuy en diferentes edades?
- c. ¿Qué cambios hay en la composición del microbioma del saco ciego del cuy en diferentes edades?

III. OBJETIVOS Y JUSTIFICACIÓN

3.1. OBJETIVOS

3.1.1. OBJETIVO GENERAL

Evaluar las características anatómicas y funcionales del tracto digestivo y saco ciego del cuy en diferentes edades.

3.1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- a. Evaluar el peso del tubo digestivo y la proporción del intestino delgado y saco ciego en diferentes edades.
- b. Comparar las variaciones en la estructura histológica del estómago, duodeno y del saco ciego en diferentes edades.
- c. Determinar la composición del microbioma del contenido cecal en diferentes edades.

3.2. JUSTIFICACIÓN

El presente trabajo de investigación tuvo como propósito evaluar las características anatómicas y funcionales del tracto digestivo y el saco ciego del cuy (*Cavia porcellus*) en diferentes edades, un aspecto fundamental para comprender los procesos digestivos en esta especie, que tiene una gran importancia tanto en la investigación científica como en la producción animal. El cuy es un animal de gran valor en diversas culturas, especialmente en América del Sur, debido a su alto valor nutricional siendo esencial para el consumo humano y la economía.

El tracto digestivo del cuy presenta características morfológicas y funcionales particulares, destacando especialmente el desarrollo y la funcionalidad de su saco ciego. Este órgano desempeña un papel clave en el aprovechamiento de la fibra, así como en la síntesis y absorción de ácidos grasos volátiles de cadena corta (AGV) y vitaminas del complejo B, componentes esenciales en la dieta de esta especie (Portal, 2024), estos AGV son producidos en mayor cantidad por especies herbívoras, y son de gran ventaja para el animal, ya que no existen enzimas digestivas para descomponer la celulosa u otros carbohidratos complejos, tienen un efecto muy significativo en el crecimiento de las células epiteliales, el flujo sanguíneo, las funciones secretoras y de absorción normales del ciego, además que produce energía (Bergman, 1990). Por otro lado, el tracto gastrointestinal en monogástricos como el cuy, realiza funciones de digestión y absorción de nutrientes, manteniendo una acción de barrera contra patógenos malignos y antígenos, durante la transición del destete, debido a que experimentan una serie de factores estresantes, siendo el más importante el cambio abrupto en la dieta de leche a alimento sólido (Azad *et al.*, 2020).

A medida que el cuy crece, se espera que ocurran cambios en la morfología y eficiencia del tracto digestivo, lo cual influye directamente en la absorción de nutrientes y, por ende, en el desempeño productivo. Por ello, esta investigación busca sentar las bases para el diseño de estrategias nutricionales ajustadas a la etapa fisiológica del animal, promoviendo sistemas de producción más eficientes y sostenibles.

Comprender cómo estas características cambian a lo largo de las distintas etapas del desarrollo del cuy es fundamental para evaluar con mayor precisión sus requerimientos nutricionales, su eficiencia digestiva y su capacidad de aprovechamiento del alimento. Sin embargo, la variabilidad anatómica y funcional del tracto digestivo en función de la edad ha sido escasamente investigada, a pesar de que su conocimiento podría tener implicancias significativas en la mejora de prácticas de manejo nutricional, salud animal y rendimiento productivo.

En este contexto, la evaluación detallada de las características anatómicas y funcionales del tracto digestivo, particularmente del saco ciego, en diferentes edades del cuy, constituye un aporte relevante para desarrollar prácticas más eficaces y adaptadas a las necesidades fisiológicas del animal, con aplicaciones directas en el mejoramiento de la nutrición, el bienestar y la sostenibilidad de la producción, generando una reducción de pérdidas económicas.

IV. HIPÓTESIS

4.1. HIPÓTESIS DE INVESTIGACIÓN

4.1.1. HIPÓTESIS GENERAL

Las características anatómicas y funcionales del tracto digestivo y saco ciego del cuy varían en función de la edad, dado que la precocidad del desarrollo del animal permite establecer un destete a temprana edad.

V. MARCO TEÓRICO

5.1. GENERALIDADES DEL CUY

El cuy (*Cavia porcellus*) es un roedor originario de las zonas altoandinas como Perú, Bolivia, Colombia y Ecuador, siendo domesticado para el consumo y aprovechamiento. Es un mamífero herbívoro de tamaño pequeño, con un peso promedio que varía entre 500 g y 1.5 kg, dependiendo de la raza y el sistema de alimentación que se emplea (Chauca,2023), su fisiología exige una dieta rica en fibra para mantener un óptimo funcionamiento digestivo (Cardona *et al.*, 2020). En cuanto a su morfología externa, presenta una cabeza grande de forma cónica, orejas redondas, cuello voluminoso, tronco de forma cilíndrica y con extremidades cortas (Chauca,2023).

Según Rosero *et al.* (2024), esta especie se caracteriza por su rápido crecimiento, alta tasa de reproducción y adaptabilidad a diversas condiciones climáticas, lo que la convierte en una alternativa viable para la producción pecuaria en pequeñas y medianas explotaciones. La carne del cuy tiene alto valor nutricional, destacando su valor proteico (20.30%) y bajo nivel de grasa (8.80%), destacando sobre otras especies (Bustamante, 1993).

5.2. TAXONOMÍA DEL CUY

La descripción zoológica del cuy es la siguiente:

Tabla 1. Taxonomía del cuy (*Cavia porcellus*)

Reino	Animal
Tipo	Cordados
Subtipo	Vertebrados
Clase	Mamíferos
Orden	Roedores
Suborden	Hystricomorpha
Familia	Caviidae
Género	Cavia
Especie	<i>Cavia aparea aparea</i> Erxleben <i>Cavia aparea aparea</i> Lichtenstein <i>Cavia cutleri</i> King <i>Cavia porcellus</i> Linnaeus <i>Cavia</i> Cobaya

Fuente: Salinas (2002)

5.3. ANATOMÍA Y FISIOLÓGÍA DEL TRACTO DIGESTIVO DEL CUY

El proceso de digestión de los cuyes inicia en la boca en donde las piezas dentarias tienen la función de cortar y triturar los alimentos suministrados, realizan la masticación para reducir el tamaño de partícula y al ser mezclados con la lisozima favorecen la acción de las enzimas digestivas sobre el bolo alimenticio, de esta manera pasa al estómago por medio del esófago (Sakaguchi, 2003). Entonces, el cuy al ser un herbívoro monogástrico presenta dos tipos de digestión: la enzimática, la cual inicia en el estómago e intestino delgado; y la microbiana, que se presente a nivel del ciego mediante la fermentación bacteriana (Reid y White, 1948).

5.3.1. ESÓFAGO

En cuyes, el esófago se abre hacia la porción caudodorsal de la faringe y pasa caudoventralmente sobre la superficie dorsal de la laringe (Imam *et al.*, 2021). Ocupa una posición en la superficie cerca de la entrada torácica. El esófago pasa mediante el mediastino de la cavidad torácica, atraviesa el diafragma en el hiato esofágico, y se extiende a través de la muesca esofágica del hígado, dorsal a la vena caudal y entra al estómago. Wagner y Patrick (1976) sostienen que “el esófago se encuentra cerca de la mitad derecha de la curvatura menor del estómago y se une oblicuamente al orificio cardíaco”. En cuanto a la estructura histológica, presenta cuatro capas: mucosa, submucosa, túnica muscular y serosa (Berghes *et al.*, 2011).

5.3.2. ESTÓMAGO

Presentan un estómago glandular que contiene principales células, parietales y caliciformes. El ácido clorhídrico (HCl) es segregado por las células parietales y su función es disolver el bolo alimenticio convirtiéndolo en quimo también se encargan de destruir las bacterias que se encuentran en el alimento, es decir, protege al estómago de microorganismos patógenos por medio del pH; asimismo, intervienen enzimas, como: lipasa, amilasa y pepsina gástrica para luego pasar al intestino delgado. Además, el HCl da inicio a la digestión de proteínas mediante la activación del pepsinógeno a pepsina (Costanzo, 2014).

Según Vicuña (2015) el estómago presenta dos regiones: glandular y no glandular, histológicamente compuesto por: una túnica mucosa, submucosa, muscular y serosa.

La mucosa está cubierta por un epitelio cilíndrico simple que varía según la región: cúbico en la zona cardial y plano en la región esofágica. Presenta evaginaciones gástricas con glándulas tubulares simples, figuras mitóticas y se asienta sobre una lámina propia de tejido conectivo con una capa discontinua de músculo liso. En esta capa abundan células parietales, principales y una moderada cantidad de linfocitos, células plasmáticas y pocos macrófagos. La submucosa está formada por fibras de tejido conectivo dispuestas en paralelo, con escasos linfocitos y vasos sanguíneos. La capa muscular consta de dos

capas de músculo liso: una interna circular y otra externa longitudinal. Finalmente, la serosa está compuesta por tejido conectivo y un mesotelio (Vicuña, 2015).

5.3.3. INTESTINO DELGADO

Se divide en tres partes anatómicas: duodeno, yeyuno e íleon; en este sector ocurren diversos procesos enzimáticos en dos períodos: la luminal por la activación de enzimas en la luz intestinal y la membranosa que permite la degradación de polímeros pequeños por enzimas de los enterocitos (Jaramillo, 2017). Cada una de estas partes anatómicas presentan cuatro capas: serosa, muscular, submucosa y mucosa.

La capa serosa está cubierta por el peritoneo dentro de la actividad abdominal y no cuenta con características especiales (Ross y Pawlina, 2007).

La capa muscular está compuesta por una capa interna de músculo liso de disposición circular y otra capa externa de orientación longitudinal. Esta estructura es responsable de los movimientos de segmentación y peristaltismo, facilitando la mezcla y el desplazamiento del contenido intestinal a lo largo del tracto digestivo. Entre ambas capas musculares se localiza el plexo nervioso mientérico, conocido como plexo de Auerbach, encargado de regular estos movimientos (Junqueira y Carneiro, 2013).

En la capa submucosa, se encuentran las glándulas de Brunner (glándulas submucosas), que producen una secreción alcalina que protege y lubrica la pared del duodeno del HCl (Morales, 2014). En cuanto a la capa submucosa del duodeno, está formado por tejido conectivo y una notable cantidad de tejido linfóide dispuesto en forma difusa, junto con numerosas glándulas tubo acinares de tipo mixto. Respecto al yeyuno y el íleon, estas carecen de glándulas mucosas. Sin embargo, en el íleon se observa una abundante presencia de tejido linfóide, tanto en disposición difusa como en agregados de aspecto nodular, siendo estas formaciones especialmente prominentes en la región caudal (Vicuña, 2015).

La capa mucosa, contiene células maduras que están presentes tanto en las glándulas intestinales como en la superficie de las vellosidades. Estas células se basan en: enterocitos (absorción), células caliciformes (glándulas unicelulares mucosecretantes), células de Paneth (que tienen un rol importante en la homeostasis e inmunidad innata mediante la secreción de sustancias antimicrobianas) y células endocrinas (producción hormonas endocrinas y paracrinas) (Ross y Pawlina, 2007).

En lo que respecta a la mucosa del intestino delgado, la monocapa epitelial es la vía de absorción de nutrientes como una barrera activa entre el medio luminal y la circulación. Después del nacimiento, el intestino delgado se adapta con el fin de mejorar la absorción de nutrientes, condicionada al aumento de la superficie de absorción, sin embargo, existe un mayor riesgo de colonización de agentes patógenos en la mucosa. La relación de la carga bacteriana con el aumento de la superficie de la mucosa intestinal es baja, ya que hay diversos factores que contribuyen a esta relación, siendo una de estas actividades fisiológicas normales como, motilidad, secreción de jugos gástricos y pancreáticos biliares, secreciones mucosas de las células caliciformes y las respuestas inmunes humorales y citotóxicas por parte de los linfocitos B y T a antígenos específicos. Por otro lado, las células epiteliales activan genes que codifican la producción y liberación de péptidos antimicrobianos, los cuales actúan como barrera contra la colonización microbiana (Ganz y Lehrer, 1998).

En el duodeno existen células secretoras que producen cimógeno y moco (producen y liberan mucina). El pH de las secreciones de estas glándulas oscila entre 8.1 y 9.3, formada por glicoproteínas neutras y alcalinas e iones de bicarbonato. Esta secreción cumple una función protectora en el intestino delgado proximal, ya que neutraliza el quimo ácido proveniente del estómago (Ross y Pawlina, 2007).

5.3.4. INTESTINO GRUESO

El intestino grueso está compuesto por el ciego (saco ciego en monogástricos), colon y recto, este es más corto que el intestino delgado, sin embargo, posee un diámetro mayor.

La mayor parte de la absorción de nutrientes digeridos tiene lugar en la parte superior del tracto gastrointestinal en todas las especies. Las secreciones del intestino grueso están compuestas de un líquido acuoso carente de enzimas, que tienen bicarbonato sódico y mucina, lubricando los restos de los alimentos que pasan por el intestino grueso, así como la superficie interna. En el intestino grueso la digestión es realizada por la actividad microbiana. Los ácidos grasos (AG) producidos en la luz del intestino grueso, agua y electrolitos, se absorben a través del epitelio del intestino grueso (Bondi, 1998).

5.3.5. CIEGO

En el ciego ocurren los procesos fermentativos del alimento y las heces son clasificadas para la cecotrofía, es por ello que es el órgano digestivo más importante y es muy desarrollado, representando el 15% del peso animal (Chauca, 1997).

El movimiento de la ingesta que se realiza a través del estómago e intestino delgado es rápida (menor que 2 horas) en llegar la mayor cantidad de la ingesta al ciego, pero el pasaje por el ciego es más lento permaneciendo 48 horas (Reid, y White, 1948).

Las bacterias que están presentes en el ciego en su mayoría son Gram positivas, los cuales sintetizan ácidos grasos volátiles, proteína microbiana y vitamina B, siendo aprovechados mediante la cecotrofía y reutilizando el nitrógeno, dando como consecuencia un buen rendimiento productivo (Chauca, 1997). La cecotrofía es la producción de dos tipos de heces: cecótrofos o heces blandas y heces duras; las heces blandas son liberadas por la mañana, mientras que las heces duras son expulsadas en las tardes en ausencia de luz en condiciones naturales (Romero, 2010).

5.3.6. COLON

Por el colon pasan los alimentos que son de mayor grosor, siendo este un proceso de “mecanismo de separación colónica”, por el cual las fibras cortas y bacterias presentes en el colon proximal son transportadas al ciego mediante

movimientos antiperistálticos para su fermentación y de esta manera permitir la formación del cecótrofo (Holtenius y Björnhag, 1985).

5.3.7. RECTO

El recto constituye la sección más distal del intestino grueso, situado proximalmente después del colon sigmoide y que conecta distalmente con el canal anal. Tiene la función de recibir el material fecal proveniente del colon, evitando su evacuación involuntaria, y actuar como un reservorio temporal para el almacenamiento de las heces (Stoker, 2009).

5.4. VARIACIÓN DE LA FUNCIÓN DIGESTIVA EN RELACIÓN A LA EDAD

Por la anatomía gastrointestinal, el cuy es considerada un fermentador post-gástrico, debido a que presenta microorganismos en el ciego que ayudan a la digestión de diversos nutrientes, la mayor o menor actividad que se encuentre en el ciego, dependiendo de la composición de la ración que se suministre (Chauca, 1997).

El ciego del cuy al nacimiento se sitúa en el cuadrante posterior izquierdo, sin embargo, durante las próximas horas o días (semana de edad) completa su rotación y desarrollo, situándose en el cuadrante derecho, para luego aumentar solo sus dimensiones y de esta manera estar en funcionamiento (Jara *et al.*, 2018).

En el estudio que realizó Matos (2010) sobre el efecto del destete precoz en el crecimiento de cuyes, evaluó cinco tratamientos con destetes de 3, 6, 9, 12 y 15 días, estos cuyes fueron evaluados a los 60, 57, 54, 51 y 48 días posdestete respectivamente. Se observó que los cuyes destetados a los nueve días obtuvieron ganancias de pesos mayores siendo 872 g. Asimismo, aquellos destetados a los 3 y 12 días también presentaron ganancias considerables, de 838 g y 844 g, respectivamente. Estos resultados evidencian que algunos cuyes pueden desarrollar su tracto digestivo de forma acelerada, logrando alcanzar los pesos comerciales del mercado hacia las ocho semanas de edad, incluso con un destete precoz.

5.5. HISTOLOGÍA Y CARACTERÍSTICAS DE ÓRGANOS DEL TRACTO DIGESTIVO

Las características histológicas de los órganos del tubo digestivo en cuyes muestran variaciones relacionadas con la edad y el estado funcional. Según Ross y Pawlina (2020), el epitelio intestinal maduro presenta un incremento en la altura de las vellosidades y en el número de células especializadas como los enterocitos, encargados de la absorción, y las células caliciformes, productoras de moco protector, lo que refleja una adaptación estructural para optimizar la digestión y absorción de nutrientes.

La pared de los órganos del tubo digestivo está formada, de adentro hacia afuera, por cuatro capas básicas, se encuentra la mucosa, compuesta por un epitelio especializado protector, secretor o absorptivo, posee una lámina propia de tejido conectivo laxo con vasos sanguíneos, terminaciones nerviosas y células inmunitarias, dentro de esta misma capa se ubica la capa muscular de la mucosa, formada por fibras musculares lisas que generan movimientos locales. Posteriormente se encuentra la capa submucosa, integrada por tejido conectivo denso irregular con vasos sanguíneos, vasos linfáticos, glándulas y el plexo submucoso o de Meissner, que regula secreciones y flujo sanguíneo. Seguidamente se encuentra la muscular externa, con una capa interna circular y otra externa longitudinal de músculo liso, responsable de la peristalsis y la segmentación bajo el control del plexo mientérico. Por último, la serosa, formada por tejido conectivo, que cuando reviste órganos intraperitoneales se presenta recubierta por mesotelio, lo que permite su desplazamiento sin fricción (Gartner, 2017)

En cuanto al ciego, Jara *et al.* (2018) reportaron que la capa mucosa presenta criptas profundas y abundante tejido linfoide asociado, lo que indica un papel fundamental en la fermentación microbiana y en la inmunidad intestinal. La submucosa contiene vasos sanguíneos y linfáticos que permiten el transporte de ácidos grasos volátiles y metabolitos resultantes de la fermentación.

5.6. TÉCNICAS HISTOLÓGICAS PARA EL ESTUDIO DEL TRACTO DIGESTIVO

Las técnicas para el estudio de tejidos se realizan mediante ciertos procedimientos que van desde la obtención de la muestra (animal o vegetal), hasta la transformación de esta, para ser analizados e identificar las características celulares y estructura de los tejidos, mediante la observación de imágenes histológicas (Tomasi, 2013).

5.6.1. FIJACIÓN DE TEJIDOS

El proceso de fijación tiene como finalidad detener los procesos de putrefacción y autólisis de la muestra causada por las bacterias presentes; una mala fijación ya no es reversible. Se utilizan sustancias químicas para este proceso denominándose fijadores, que tienen la capacidad de conservación permanente en algunos casos sin alterar las características de los tejidos (Barbeito y Diessler, 2022).

El fijador utilizado debe tener un volumen diez veces mayor al de la muestra (10:1), asimismo el pH de este tiene que ser neutro, con osmolaridad similar al tejido, evitando el colapso de las estructuras (Tomasi, 2013). Según Brusco *et al.* (2014). El formaldehído es considerado el mejor fijador, la concentración requerida que se utiliza rutinariamente es formol al 10%, ya que este da dureza a la muestra por la contracción ligera del tejido haciendo que sea manipulable.

5.6.2. DESHIDRATACIÓN Y ACLARAMIENTO DE LA MUESTRA

Estos procesos se dan mediante una secuencia de alcoholes (alcohol de 50°, 70°, 96° y 100°), en la aclaración la muestra se sumerge en un solvente orgánico llamado xilol o se utiliza el tolueno (Barbeito y Diessler, 2022).

La deshidratación elimina el agua de la muestra para permitir la adecuada absorción del medio de inclusión, utilizando alcoholes que no alteren la estructura del tejido. La cantidad de repeticiones depende del tipo de tejido y del criterio del analista. Posteriormente, el proceso de aclaramiento reemplaza el agente deshidratante para facilitar la penetración del medio de inclusión (Verdín *et al.*, 2013).

5.6.3. INCLUSIÓN DE PARAFINA

Tras el aclaramiento, la muestra pasa al proceso de inclusión en parafina. La parafina debe encontrarse en estado líquido, por lo que se mantiene a 60 °C en vasos de precipitados dentro de una estufa. El bloque que contiene el tejido se sumerge en la parafina líquida y se deja en la estufa, conservando la temperatura constante, hasta lograr la completa impregnación del tejido (Verdín *et al.*, 2013).

Este proceso se realiza en dos pasajes por un tiempo adecuado de dos horas, se recomienda que se tenga parafina en dos vasos precipitados con la finalidad de que el segundo esté libre de impurezas, previniendo la contaminación de la muestra (Barbeito y Diessler, 2022).

Finalmente, se lleva a cabo la confección del taco, colocando la muestra en un molde metálico que se rellena con parafina. El tejido se orienta de acuerdo con el tipo de corte que se desee obtener. Luego, el molde se enfría para permitir la solidificación de la parafina (Brusco *et al.*, 2014).

5.6.4. CORTES HISTOLÓGICOS

Según Verdín *et al.* (2013) el proceso del corte se realiza en laminas delgadas permitiendo que la luz pueda atravesar con la finalidad de para ser observadas adecuadamente en el microscopio. Los cortes se realizan con el microtomo ya que cuenta con cuchillas afiladas que secciona el bloque; el espesor de corte puede variar de acuerdo al tejido, usualmente se encuentran entre los 5 y 8 micrones.

Las láminas son sumergidas en un baño de agua a una temperatura de 40°C para luego adherirse a los portaobjetos, posteriormente realizar la coloración de las láminas (Barbeito y Diessler, 2022).

5.6.5. TINCIÓN DE MUESTRAS

Para la tinción de tejidos se emplean diversos colorantes, destacando la coloración con hematoxilina-eosina, conocida como tinción núcleo-citoplasmática. Esta técnica tiñe el núcleo celular de color violeta y el citoplasma de tono rosado. La hematoxilina requiere una oxidación previa para

transformarse en hemateína, el compuesto activo responsable de la coloración nuclear. Por su parte, la eosina es un colorante sintético, soluble en agua y alcohol, que permite teñir componentes citoplasmáticos y extracelulares (Tomasi, 2013).

5.6.6. DESHIDRATACIÓN

Luego del desparafinado, las muestras son sumergidas en baterías de alcoholes realizando pasajes con el fin de deshidratarlas para que luego sean hidratadas en disolventes como el xilol permitiendo la penetración del medio de montaje (Brusco et al., 2014).

5.6.7. MONTAJE

El medio de montaje más utilizado es el bálsamo de Canadá, en el corte coloreado se deposita una gota de esta solución y cubrir con laminillas evitando que se queden burbujas para facilitar la lectura en el microscopio (Tomasi, 2013).

5.7. ESTUDIO HISTOLÓGICO DEL TRACTO DIGESTIVO DEL CUY

En el ámbito histológico, Hiyagón (2014), en su estudio sobre la morfología del estómago del *Cavia porcellus*, analizó el crecimiento histológico de este órgano durante los primeros 15 días de vida posnatal. Para ello, se utilizaron 48 cobayos machos recién nacidos, divididos en grupos correspondientes a cada día desde el nacimiento hasta el día 15, además de un grupo de animales adultos como referencia.

En el estómago se estudiaron tres porciones: *fundus*, cuerpo y antro. En la región del cuerpo, la túnica mucosa presentó un incremento progresivo en su espesor desde el nacimiento, iniciando en aproximadamente 280 μm y alcanzando cerca de 481 μm en la edad adulta. Un punto de inflexión importante se registró alrededor del sexto día, cuando el espesor superó los 390 μm , reflejando una maduración progresiva del epitelio gástrico en preparación para el cambio de alimentación. Por su parte, la túnica muscular junto con la serosa mostró un aumento constante en su grosor, desde 112.8 μm en animales de un día de edad hasta alcanzar 258 μm en adultos. Esta túnica también evidenció un desarrollo

sostenido durante la lactancia, aunque con menor espesor en la región del cuerpo en comparación con el *fundus*.

5.7.1. INFLUENCIA DE LA EDAD EN LAS CARACTERÍSTICAS HISTOLÓGICAS DEL TRACTO DIGESTIVO DE CUYES

En un estudio realizado por Arce (2016) efectuaron un estudio histológico de las vellosidades intestinales en cuyes criollos y mejorados considerando variaciones en la alimentación, por un lado, basado en alfalfa y alfalfa más alimento balanceado. En cuanto a la evaluación del duodeno, los cuyes mejorados presentaron una altura promedio de vellosidades de 230.76 μm , sin observarse diferencias significativas entre grupos genéticos. No obstante, al considerar el sistema de alimentación, se evidenciaron diferencias significativas: los cuyes alimentados únicamente con alfalfa quienes tuvieron vellosidades intestinales con altura de 194.60 μm , mientras que aquellos que recibieron alfalfa más balanceado, tuvieron una mayor altura de 267.99 μm . Estos resultados indican que una dieta basada exclusivamente en forraje no satisface adecuadamente los requerimientos nutricionales, afectando el desarrollo intestinal.

5.8. MICROBIOMA INTESTINAL

5.8.1. IMPORTANCIA DEL MICROBIOMA EN LA FUNCIÓN DIGESTIVA

Alvarado y Hernadez (2023), destaca que el microbioma gastrointestinal participa en múltiples procesos fisiológicos esenciales para el desarrollo, rendimiento, comportamiento y salud en monogástricos y animales rumiantes. Esta comunidad microbiana se organiza según regiones anatómicas del tracto digestivo: géneros como *Lactobacillus* y miembros de *Enterobacteriaceae*, en el proventrículo están presentes *Clostridiaceae* y *Enterococcus*, y en el intestino se identifican *Escherichia* y *Streptococcus*, lo que demuestra funciones específicas asociadas a cada sitio.

Welch *et al.* (2022) examinaron el microbioma gastrointestinal (GIT) en diversos órganos del animal a través de ejes microbio-intestino-órgano, señalando que los metabolitos producidos por el microbioma no solo influyen en el sistema

inmunitario y la fisiología digestiva, sino que también ejercen efectos en órganos distantes mediante canales de señalización específicos.

Las alteraciones en la composición microbiana causadas por factores de alimentación o ambientales, incrementan el riesgo de colonización patógena. Estas perturbaciones pueden desatar efectos negativos comprometiendo la salud integral del animal. Por ello, es fundamental comprender estos mecanismos para desarrollar terapias microbianas dirigidas, restaurando el equilibrio intestinal y promoviendo la salud tanto digestiva como sistémica (Pickard *et al.*, 2017).

5.8.2. MICROBIOMA DEL SACO CIEGO

La microflora del intestino posee una alta densidad poblacional, diversa y compleja, pues la flora microbiana intestinal indígena está cerca de 10^{14} microorganismos consistentes en 400 tipos de bacterias, además se da un sistema de interrelación entre los diversos microorganismos y el hospedero (Zoetendal *et al.*, 2004).

La flora intestinal realiza diversas funciones metabólicas que el animal no puede hacer o utiliza su limitada capacidad, estas bacterias llegan a producir una variedad de vitaminas, sintetizan aminoácidos esenciales y no esenciales, también llevan a cabo la biotransformación de la bilis (Vyas y Ranganathan, 2012).

Las dos primeras semanas de vida del animal, existe una flora anaeróbica estricta y anaeróbica facultativa estas se encuentran en proporciones de 10^7 - 10^{10} bact/ag, entre la flora anaeróbica facultativa encontramos a especies como *Streptococcus sp* y *Escherichia coli*, que tienden a ascender en la segunda y tercera semana de vida para luego ser residual o estar ausente después de la etapa de destete, asimismo en las bacterias estrictamente anaeróbicas no esporulantes, se tiene a los bacilos gram negativos que predominan en cada sector del intestino, en cuanto a los *Clostridium*, *Endoesporas* y *Acuformis* que son no esporuladas se encuentran en menor proporción (100.00 a 1,000.00 veces menos) que los *Bacteroides* (Boulahrouf *et al.*, 1991).

Frías (2022), encontró géneros bacterianos *Ruminococcus*, *Clostridium*, *Eubacterium*, *Prevotella* y *Roseburia*, en el ciego del cuy de tres razas (Inti, Perú, Andina) siendo estas las bacterias que ayudan en la degradación de la fibra, asimismo encontraron otras especies que ayudan en el bienestar del animal (*Bacteroides uniformes*, *Mucispirillum*, *Alistipes indistinctus* y *Clostridium symbiosum*).

5.8.3. IMPORTANCIA DE LOS FILOS BACTERIALES EN LA DIGESTIÓN

a. Filo *Bacteroidota*

Este filo se caracteriza por ser bacilos Gram negativos y anaerobios estrictos, siendo el oxígeno tóxico para ellas (Carvajal, 2019). Produce ciertos beneficios dentro del hospedero como la exclusión de ciertos patógenos en las zonas de mayor prevalencia como el intestino, asimismo previene la residencia de agentes patógenos o infecciosos (Guarner, 2007).

Según Pérez (2014) este género es el principal componente del microbiota intestinal de los mamíferos. Se encuentran con mayor concentración donde el tránsito intestinal es más lento y la energía obtenida por la alimentación permite una fermentación anaeróbica.

El *Bacteroides thetaiotaomicron* posee la capacidad sacrolítica de descomponer y fermentar carbohidratos complejos siendo fundamental de su rol mutualista en el microbiota intestinal, ayudando en el aprovechamiento de nutrientes en el ambiente digestivo (Lopardo, 2019).

Según Kovács *et al.* (2006) ciertos *Bacteroides* son capaces de colonizar el intestino de los conejos a los dos días de vida, mientras que Eckburg *et al.* (2005), en los estudios hechos en ratones libres de bacterias la especie *B. thetaiotaomicron* puede colonizar el intestino al momento del destete.

b. Filo *Firmicutes*

Este filo es uno de los más importantes dentro de los grupos bacterianos del microbiota intestinal (Mönckeberg *et al.*, 2011) en conejos demuestra que este filo realiza la fermentación, teniendo una alta capacidad de extracción de la

energía de los carbohidratos no digeribles, por otro lado, Li *et al.* (2022) en su estudio en caballos considera este filo importante para la degradación de celulosa, mantenimiento de la homeostasis intestinal y producción de ácidos grasos de cadena corta.

Según Goldman *et al.* (2008) en este filo la clase más importante es la *Clostridia*, son bacilos Gram positivos, se caracterizan por ser anaerobios estrictos, siendo el grupo con mayor relevancia de los microorganismos. Se caracterizan por su capacidad de formar endoesporas, siendo resistentes a condiciones extremas, como las temperaturas elevadas o tratamientos químicos. Producen potentes enterotoxinas causando una enfermedad entérica grave como la *Enterotoxemia Clostridial*, causando la muerte.

Este género habita en pequeñas proporciones en la flora intestinal de conejo y cuyes, afectando mayormente a los animales destetados; los altos niveles de almidón en la dieta son la causa de sobrecarga de carbohidratos a nivel del ciego, liberando glucosa para la formación de la toxina iota, esto se da en conejo jóvenes, en el caso de animales adultos la *Enterotoxemia* se da por factores de manejo, en muchos casos es por el estrés o si están sujetos a un tratamiento con antibióticos permitiendo la proliferación de esta bacteria en el ciego alterando la microbiota (Smith, 2014).

c. Filo *Euyarchaeota*

Según Shalvarjian *et al.* (2021) Esta clase se caracterizan por ser organismo procarióticos, pertenecen al dominio *Archaea*, cumpliendo la función de producción de energía y crecimiento del metano, requiriendo condiciones anaeróbicas.

Las bacterias de esta especie son una fuente natural de metano que se encuentran en el tracto digestivo de los animales tanto rumiantes como monogástricos (ciego de cuyes, conejos y caballos), la concentración dependerá de factores de manejo o fisiología del animal (Madigan *et al.*, 2015).

En el tracto gastrointestinal del conejo existe una concentración activa de *Methanobacterias* ya que este presenta un pH casi neutro, siendo idóneo para el

desarrollo de microorganismos, aunque es en el ciego donde se da el proceso de fermentación (segmentos proximales) teniendo la mayor población de bacterias (Gouet *et al.*, 1979).

5.9. MÉTODOS PARA EL ESTUDIO DE MICROBIOMA

5.9.1. CULTIVOS BACTERIALES

El cultivo bacteriano consiste en el proceso de propagar bacterias en condiciones controladas, tanto factores nutricionales (nitrógeno, carbono, azufre, fósforo y vitaminas) como también factores físicos (temperatura, pH, humedad, oxígeno, radicación, presión hidrostática y osmótica), para facilitar su multiplicación (Hernández *et al.*, 2001).

Existen diferentes medios de cultivos bacterianos que ayudan a su multiplicación.

a. Medios simples, sintéticos y complejos

Tienen una composición nutricional variable. Los medios simples permiten el desarrollo de bacterias resistentes y poseen una composición química definida; los sintéticos, como el medio Davis-Mingioli, se componen únicamente de nutrientes necesarios y los medios complejos, como el caldo de soja tripsínica, se desconoce su composición química exacta. Los medios bacterianos según su consistencia, pueden ser sólidos (agar nutritivo), semisólidos (Stuart) o líquidos (Basu *et al.*, 2015).

Los cultivos puros son esenciales para estudiar bacterias específicas, y la elección del medio de cultivo es clave para su aislamiento. Existen medios selectivos y diferenciales, como Agar MacConkey y Agar Sangre, que permiten distinguir entre grupos de organismos. Además, se han desarrollado medios especializados, como Dorset (consiste en clara y yema de huevo, y solución de cloruro de sodio) y Petergnani, para el cultivo selectivo de micobacterias (Wasas *et al.*, 1999).

b. Medio sólido

Esto se lograba añadiendo un agente gelificante al caldo líquido. En 1881, Robert Koch desarrolló el primer medio sólido añadiendo gelatina como agente gelificante. Sin embargo, este presentó limitaciones, lo que llevó a Angelina Fanny Eilshemus a proponer el uso de agar como agente gelificante, siendo adecuado para organismos gelificantes. El agar se popularizó por su estabilidad térmica, inocuidad, buena difusión, claridad y resistencia a la digestión bacteriana. El alto costo y la sobreexplotación de los recursos naturales del agar (es decir, *Gelidium* sp., *Gracillaria* sp. y *Pterocladia* sp.), han impulsado a la comunidad científica a buscar agentes gelificantes alternativos (Basu *et al.*, 2015).

c. Medios de cultivo sin inhibidores

Inicialmente fueron utilizados las infusiones de carne o los extractos de corazón o cerebro. Hoy en día destacan los extractos de levadura y componentes vegetales. Las peptonas, son utilizadas como aditivo nutricional de medios de cultivo derivadas de la hidrólisis enzimática de proteínas. Los sustratos más utilizados son la carne, caseína, soja y gelatina (Lagier *et al.*, 2015).

d. Medio diferencial

Es aquel que ocasiona que las colonias de un tipo particular de microorganismos tengan un aspecto distinto. De acuerdo con la reacción de la tinción, las bacterias Gram positivas retienen el colorante primario, violeta cristal, y adquieren una tonalidad azul intensa o púrpura. En cambio, las Gram negativas se decoloran, pierden el colorante inicial y, al absorber la safranina, presentan un tono rojo o rosado. Cabe señalar que ciertos medios incorporan compuestos como el tioglicolato, que disminuye la disponibilidad de oxígeno molecular y favorece el crecimiento de bacterias anaerobias. Asimismo, aquellas bacterias capaces de reducir el nitrato a nitrito reaccionan con los reactivos, desarrollando una coloración roja o rosada (Atlas y Synder, 2011).

5.9.2. SECUENCIACIÓN 16S

La secuenciación del gen que codifica el ARN ribosómico 16S (ADNr 16S, o *rrs*) es una técnica molecular fundamental (Woo *et al.*, 2008) utilizada en la identificación bacteriana que permite establecer las relaciones filogenéticas entre procariotas, lo que ha revolucionado la taxonomía y permite una identificación rápida y precisa de las bacterias (Rodicio y Mendoza, 2004)

El gen 16S rDNA es un objetivo ideal para la identificación y la filogenia bacteriana porque es una molécula altamente conservada universalmente en todas las bacterias, aunque contiene regiones variables que permiten diferenciar especies. Además, tiene un tamaño considerable (aproximadamente 1500 pares de bases), lo que ayuda a minimizar las fluctuaciones estadísticas en las comparaciones. La secuenciación del ADNr 16S es especialmente valiosa para la identificación de bacterias que son difíciles de identificar mediante métodos fenotípicos convencionales. Esto incluye bacterias con perfiles fenotípicos inusuales, bacterias raras, bacterias de crecimiento lento (como las micobacterias, que pueden tardar semanas en crecer lo suficiente para pruebas fenotípicas) o bacterias no cultivables (Woo *et al.*, 2008).

Rodicio y Mendoza (2004) menciona que el método molecular para la identificación bacteriana consta de tres etapas principales. La primera etapa consiste en amplificar el Gen *rrs* (ADNr 16s), utilizando ADN bacteriano obtenido preferentemente de un cultivo puro o de una muestra clínica. La amplificación se realiza por la reacción de la cadena polimerasa (PCR) en un termociclador, con iniciadores que se unen a regiones conservadas del gen, pudiendo obtenerse el gen completo (aproximadamente 1500 pares de bases “pb”) utilizando iniciadores en los extremos, o un fragmento más corto, como las primeras 500 pb del extremo 5' del gen, suficiente para identificación clínica. Finalmente, la presencia de un único amplicón del tamaño esperado se verifica mediante electroforesis en gel de agarosa. La segunda etapa es la secuenciación del amplicón obtenido por PCR, realizada mediante secuenciadores automáticos que generan fragmentos de 500–900 bases. Para obtener el gen ADNr 16S completo se emplean varios iniciadores (generalmente 4 a 8), se secuencian ambas cadenas del amplicón (directa y reversa) para corregir errores y resolver

ambigüedades. La secuenciación completa es esencial para identificar nuevos patógenos. La tercera etapa es el análisis de la secuencia, donde la secuencia de nucleótidos obtenida se compara con secuencias depositadas en bases de datos especializadas, hay una base de datos públicas y privadas, por ejemplo, la base de datos públicas RDP y RIDOM, la primera es una base de datos importante para secuencias de ADNr y la segunda se centra en microorganismos patógenos. Rodicio y Mendoza (2004) recomiendan usar más de una base para confirmar resultados, especialmente en bacterias poco comunes. Además, pueden realizarse análisis filogenéticos para determinar el parentesco con otras bacterias.



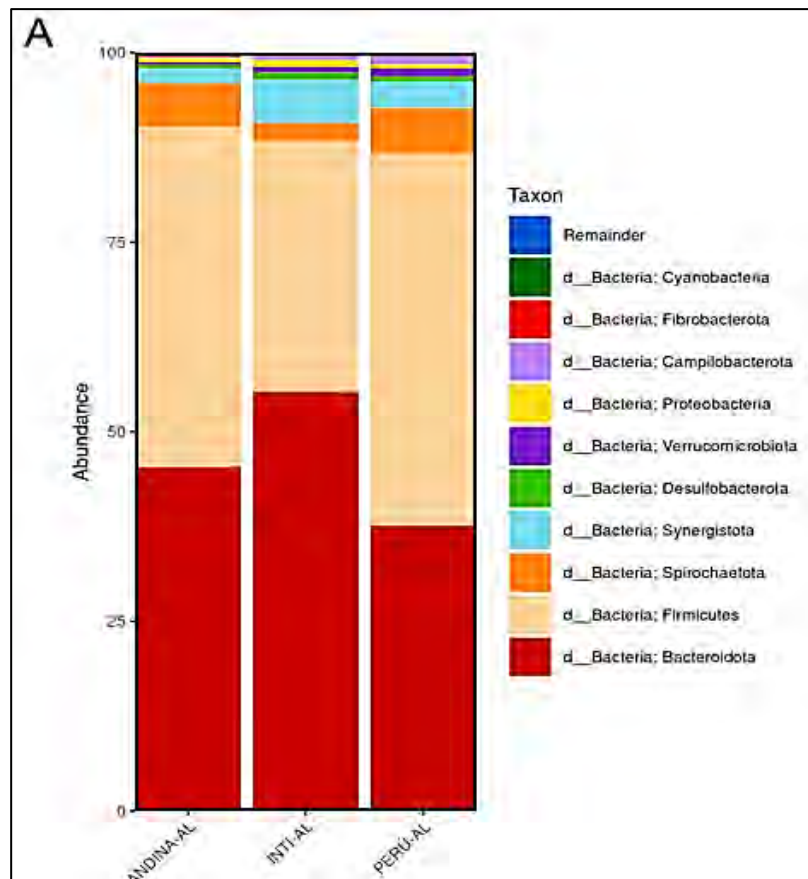
Fuente: Rodicio y Mendoza (2004).

Figura 1. Etapas a seguir en el proceso de identificación bacteriana mediante secuenciación del ADNr 16S

Según Woo *et al.* (2008), la secuenciación del ADNr 16S enfrenta limitaciones como la falta de automatización total del proceso y la dificultad de interpretación para usuarios inexpertos. No hay umbrales universales de similitud para definir especies, aunque se proponen >97% o >99%, e idealmente >99.5%. Diferencias de 2–3% indican identificación dudosa, y <2% puede impedir la identificación confiable si hay especies muy similares.

5.10. INFLUENCIA DE LA EDAD Y LA DIETA EN EL MICROBIOMA DEL SACO CIEGO

Recientemente Frías *et al.* (2023a) utilizaron 15 cuyes machos, los que fueron divididos en cinco ejemplares por raza mejorada Andina, Inti y Perú. Estos cuyes tenían edades entre 70 a 90 días, fueron alimentados bajo las mismas condiciones (80% de alfalfa, 20% concentrado y agua *ad libitum*; no se tuvo en cuenta la coprofagia. Los resultados de este estudio no evidenciaron diferencias en la composición microbiana entre grupos según la diversidad beta. Sin embargo, en los resultados de diversidad alfa del microbioma del ciego de razas del cuy, se observó una tendencia a un índice Chao1 (riqueza de microbiota) más alto y Shannon (diversidad de microbiota) en el grupo Perú, en comparación a la raza Andina e Inti. Los resultados en las diferencias en la composición del microbioma bacteriano para cada grupo de raza indica que comparten cuatro filos principales: *Bacteroidota* (44.78, 49.97 y 37.74%), *Firmicutes* (44.74, 37.04 y 49.38%), *Spirochaetota* (5.13, 3.92 y 5.96%) y *Synergistota* (3.02, 5.33 y 3.34%) siendo los más abundantes en las razas Andina, Inti y Perú, respectivamente.



Fuente: Frías et al. (2023a).

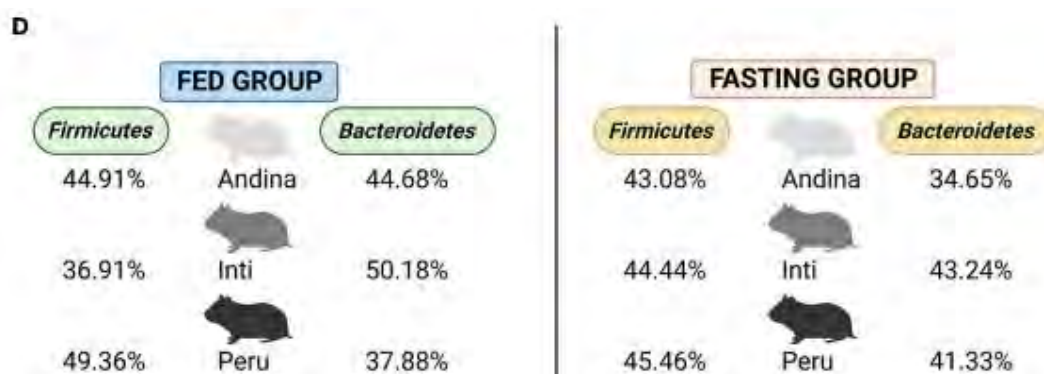
Figura 2. Composición taxonómica de los diez filos principales en tres diferentes razas de cuy

En esa misma investigación hizo un análisis discriminante lineal (LDA) para identificar los géneros específicos que varían consistentemente en cantidad según la raza. Se encontró 66 biomarcadores potenciales entre las tres razas: 25 de raza Andina, 25 de raza Inti y 16 de raza Perú. Las bacterias con mayor puntuación LDA fueron: para la raza Andina, *Bacteroidales* (género F082); para raza Perú, *Muribaculaceae*; y para la raza Inti, *Prevotellaceae* (*Prevotellaceae* Grupo UCG-004). Además, mencionan que los géneros con mayor abundancia en las tres razas fueron *Muribaculaceae* y *Prevotella*.

Frías et al. (2023b) en otro estudio, utilizaron 28 cuyes machos alimentados y en ayunas para analizar la variación que sufren en el microbioma del ciego, considerando las razas Andina, Inti y Perú. Los cuyes alimentados recibieron ñla mismas dieta (80% alfalfa y 20% de alimento balanceado) y lo cuyes en ayunas permanecieron así durante 24 horas previo al sacrificio, la edad de los cuyes

osciló entre los 70 a 90 días. Los resultados de este estudio en cuanto a la diversidad alfa del microbiota del ciego de los grupos de tratamiento de las razas de cuyes no tuvieron diferencias significativas en los índices de Shannon y Chao1. En los grupos que fueron alimentados se observó una tendencia a un mayor índice Chao1 y número de OTUs (grupos microbianos usados para estimar diversidad) en las razas Inti y Perú, pero no en la raza Andina, en comparación con el grupo en ayunas. En cuanto al grupo sometido a ayunas se observaron una tendencia a un mayor índice Shannon en las razas Inti y Perú, pero no en la raza Andina, en comparación al grupo alimentado. Es importante mencionar que en el estudio, hubo ligeros cambios en la estructura alfa entre las muestras de las razas; la raza Andina aumentó el índice de riqueza (Chao1) y disminuyó la diversidad de la muestra (Shannon), en cuanto a las razas Inti y Perú presentaron una ligera disminución en la riqueza y un aumento en la diversidad, lo que quiere decir que estadísticamente el ayuno no modifica la diversidad alfa. En los resultados sobre las diferencias en la composición microbiana entre grupos según la diversidad beta se encontró que existe una diferencia significativa entre los grupos de tratamiento de la raza Perú (PAG-valor < 0.05), pero no para las razas Andina e Inti.

En cuanto a los datos ecológicos cualitativos de las diversas especies bacterianas agrupadas, el microbiota intestinal de la raza Perú varía entre los grupos de tratamiento. Los resultados en las diferencias en la composición del microbiota del ciego de los grupos de tratamiento de razas del cuy mostraron que existen dos filos más abundantes para todos los grupos de tratamiento; *Firmicutes* y *Bacteroidetes*.



Fuente: Frías et al. (2023b).

Figura 3. Representación de los porcentajes de abundancia relativa de los dos filos principales presentes en grupos de cuyes evaluados por Frías et al. (2023b)

La relación entre estas dos bacterias (*Firmicutes/Bacteroidetes*) aumentó en los grupos en ayunas de las razas Andina e Inti, pero no en la raza Perú.

El género más dominante en todos los grupos fue *Muribaculaceae* (*Muribaculaceae*), con tasas variables de 15.85% y 9.24% para los grupos de alimentación Andina y ayuno Andina; 14.53% y 17.06% para los grupos de alimentación Inti y ayuno Inti; 18.78% y 13.65% para los grupos de alimentación Perú y ayuno Perú, respectivamente.

Como resultado del estudio, se evidenció que el ayuno puede tener un efecto significativo en las comunidades bacterianas del microbiota del ciego de la raza Perú, pero no en las otras razas. Se encontró una reducción de la relación F/B (*Firmicutes Bacteroidetes*) en el grupo de ayuno de la raza Perú, lo que quiere decir que la raza Perú tiene una mayor susceptibilidad al tratamiento de ayuno. En el análisis de se identificó cuatro taxones que se enriquecieron en todos los grupos de ayuno de las tres razas: *Clostridia* (género *Clostridia* grupo vadinBB60), *Rikenellaceae* (grupo intestinal dgA-11), *Helicobacter*, y *Oscillospirales* (género UCG-010). Además, el tratamiento de ayuno aumentó significativamente la cantidad de *Bacteroidetes*, *Bacteroidia*, *Lachnospirales*, y *Lachnospiraceae* en las razas Inti y Perú, pero no en la raza Andina, en esta disminuyó.

Se tiene información de otro estudio realizado por Romero (2024) quien evaluó 288 cuyes en edades de etapa productiva de destete entre los 15 a 20 días de edad, los cuales fueron alimentados con una dieta basada únicamente en forraje/pasto, los animales fueron obtenidos de diferentes ubicaciones geográficas. Los resultados de este estudio son que se encontraron tres filos más abundantes en el microbioma cecal: *Firmicutes* y *Bacteroidetes*. Al analizar los núcleos bacterianos por corregimientos, *Prevotella* y *Oscillospira* mostraron variaciones. Sin embargo, para el caso de la bacteria *Prevotella*, esta ha sido identificada con anterioridad a nivel ruminal y es de suma importancia ya que tiene asociación con el proceso de adaptación del huésped a la dieta de fibra vegetal (Dao *et al.*, 2021). Lo cual indica que los cuyes evaluados se encontraban en un proceso de adaptación, de una dieta líquida (leche materna) a la dieta vegetal (basada en forraje).

Consecuentemente en el estudio al analizar el efecto de la dieta sobre el microbioma cecal, se identificó en abundancia el filo *Fibrobacteres*, lo que el autor señala que puede estar con la cantidad significativa de carbohidratos no estructurales presentes en la caña, los cuales pueden ser aprovechados fácilmente por los miembros de dicha familia de bacterias, entonces esto señala que la alimentación tiene influencia en el microbioma del tracto digestivo. Además, se encontraron otros filos en cantidades menores y con tendencia a disminuir, estos filos son: *Verrucomicrobia*, *Spirochaetes* y *Actinobacteria*, y en cuanto a la identificación de géneros resaltó la presencia de *Akkermansia* y *Bacteroides*.

Por otro lado, Velasco *et al.*, (2018) utilizaron 23 conejos con 66 días de edad. Los resultados obtenidos en dicho estudio manifestaron que los filos predominantes respecto al ciego son: *Firmicutes* con 76.55%, *Tenericutes* con 7.48% y *Bacteroidetes* con 7.46%, cabe mencionar también que el único filo del reino *Archaea* fue *Euryarchaeota*, destacando el género *Methanobrevibacter* con un promedio de 0.06%. Asimismo, las clases predominantes fueron *Clostridia* (76.14%), *Mollicutes* (7.54%) y *Bacteroidia* (7.41%).

VI. MATERIALES Y MÉTODOS

6.1. ÁMBITO DE ESTUDIO

6.1.1. LUGAR Y TIEMPO DE ESTUDIO

El presente estudio se realizó en el Centro Agronómico K'ayra, de la Facultad de Agronomía y Zootecnia, Escuela Profesional de Zootecnia de Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco (UNSAAC) ubicado en el distrito de San Jerónimo, provincia y región Cusco, en los laboratorios de “ciencia animal”, donde se realizó el procesamiento de muestras histológicas y recolección de la materia cecal. En el laboratorio de “Sanidad Animal M.V. Atilio Pacheco” donde se realizó corte y medición histológica de las muestras.

La duración del estudio fue desde los meses de junio del 2024 hasta el mes de junio del año 2025.

6.1.2. CARACTERÍSTICAS GEOGRÁFICAS

Latitud : 13° 33' 24.7"

Longitud : 71° 52' 29.8"

Altitud : 3219.m.s.n.m

6.1.3. CARACTERÍSTICAS DE LAS INSTALACIONES

En la Unidad de Producción de Cuyes de la granja K'ayra se encuentran en pozas de 1.5m x 1m divididas con madera, piso de tierra, y la cama es a base de chala para controlar la humedad. La temperatura ambiental del galpón oscila desde los 8°C hasta 22°C.

6.2. MATERIALES Y EQUIPOS

6.2.1. MATERIAL BIOLÓGICO

Para el trabajo de investigación se utilizaron 48 cuyes (50% hembras y 50% machos) de la línea comercial 1 (manto rojo) de la Unidad de Producción de Cuyes del Centro Agronómico K'ayra, los cuales fueron seleccionados en seis

grupos etarios, siendo cuatro animales por sexo, tal como se detalla en la Tabla 2.

Tabla 2. Distribución de cuyes por grupo etario y sexo

Edad (días)	Machos	Hembras
1	4	4
7	4	4
10	4	4
14	4	4
21	4	4
116	4	4
Total	24	24

La alimentación para este estudio no fue controlada ya que se consideró el manejo alimentario habitual de la unidad de producción de cuyes de la UNSAAC. Cabe precisar que la alimentación en cuyes en la unidad de estudio es mixta, con una dieta *ad libitum* de forraje verde (asociado de Rye Grass italiano y alfalfa) + complemento alimento balanceado comercial para cuyes (Tomasino ®) a razón de 20 g/animal/día en animales adultos y de 5 g/animal/día en gazapos lactantes y de 10 g/animal/día en gazapos destetados (14 días) hasta los 56 días.

Tabla 3. Composición química del de forraje verde (asociado de Rye Grass italiano y alfalfa)

Componente	Ryegrass italiano	Alfalfa
Materia seca (MS)	36.20%	37.10%
Proteína cruda (CP)	18.40%	21.60%
Fibra detergente neutra (NDF)	50.00%	44.00%
Fibra detergente ácida (ADF)	33.00%	31.00%
Fibra detergente ácida indigestible (iADF)	10.00%	26.00%
Extracto etéreo (EE)	2.40%	2.80%
Cenizas (Ash)	8.10%	9.20%
Calcio (Ca)	0.55%	1.35%
Fósforo (P)	0.32%	0.28%

Fuente: Quispe (2024).

Tabla 4. Composición química del alimento balanceado comercial (Tomasino)

Componente	Contenido (mín./máx.)
Proteína cruda	15.00 % mín.
Carbohidratos	45.00 % mín.
Grasas	2.00 % mín.
Fibra	16.00 % máx.
Cenizas	10.00 % máx.
Calcio (Ca)	0.90 % máx.
Fósforo (P)	0.50 % mín.

Fuente: Alimentos Procesados S.A. Tomasino. (2019).

6.2.2. MATERIALES DE LABORATORIO Y CAMPO

- Micropipetas graduables
- Regla milimétrica
- Vernier
- Cinta métrica
- Mechero de Bunsen
- Crioiales
- Portaobjetos

- Laminillas
- Cassettes histológicos
- Moldes de inclusión de parafina
- Kit de cirugía menor
- Hojas de bisturí
- Frascos de vidrio
- Vasos coplín
- Cocina eléctrica
- Papel aluminio
- Papel toalla
- Cuaderno de campo
- Tubos de ensayo
- Jarra de milimetrada
- Hojas milimetradas
- Cucharas de muestreo estériles descartables
- Parafilm

6.2.3. REACTIVOS

- Parafina
- Eosina roja - amarillenta
- Hematoxilina
- Ottix Shaper®
- Ottix Plus®
- Sustituto de Xilol (Formula 83®)
- Alcohol al 70%
- Formalina al 10%
- Agua destilada
- Agua destilada no estéril
- Agua amoniacal al 1%
- Alcohol acido al 11%
- Bálsamo de Canadá

6.2.4. EQUIPOS DE LABORATORIO

- Estufa
- Lector multimodal de imágenes celulares (Cytation 5®)
- Microtomo
- Dispensador de parafina
- Flotador de parafina
- Balanza de precisión de 0.001g
- Balanza electrónica digital 0.1 g

6.2.5. SOFTWARE EMPLEADO

- Software para análisis de micrografías ImageJ®
- Excel
- R Studio

6.3. TIPO DE INVESTIGACIÓN

El estudio que se realizó es de tipo observacional ya que no se asignaron unidades experimentales a los tratamientos. Los datos analizados fueron recabados durante la ejecución del trabajo, también fue clasificado como de tipo prospectivo y considerando la duración del estudio, al ser de corto tiempo, fue transeccional.

6.4. MÉTODOS

6.4.1. MÉTODOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS

a. Identificación y selección de animales para el estudio

En el manejo del galpón se realiza la colecta de registros diarios, de filiación con la finalidad de obtener el día exacto de los gazapos, el destete fue realizado a los 14 días de edad registrándolos con un código de identificación individual a través del aretado al momento del destete.

Los cuyes de interés de estudio de las edades: 1 día, 7 días, 10 días, 14 días, 21 días y 116 días, fueron pesados el día de su sacrificio en ayunas.

b. Recolección de datos de pesos vivos

Se efectuó y se registró el pesaje de cuyes seleccionados antes del sacrificio utilizando la balanza electrónica digital de aproximación 0.1 g, para poder realizar el análisis del presente estudio.

c. Método de sacrificio

El método de sacrificio fue por insensibilización por desnucamiento y según Caicedo *et al.* (2011) menciona que es un método humanitario que consiste en aplicar una fuerza rápida y contundente en la parte posterior del cuello del animal, lo que provoca una muerte instantánea. Este método es considerado uno de los más eficientes y menos dolorosos para los cuyes, teniendo en cuenta las metodologías de bienestar animal.

d. Eviscerado del cuy y extracción de muestras para estudio histológico

Este procedimiento se realizó después del sacrificio del cuy, extrayendo el tubo digestivo considerando las siguientes partes: esófago, estómago, duodeno y saco ciego, para posteriormente pesarlos y medirlos.

e. Medición y pesado de órganos del tracto digestivo

Una vez extraídos los órganos a estudiar (esófago, estómago, intestino delgado y saco ciego) se realizó el pesaje de cada uno de estos con una balanza de precisión de 0.001g. Luego se hizo la medición del intestino delgado con la ayuda de una cinta métrica, respecto a los demás órganos se tomó fotografías en papel milimetrado para ser medidos en el programa ImageJ®.

En el caso del saco ciego, además del peso y dimensiones también se determinó su volumen, utilizando una jarra milimetrada con un contenido de agua de 300 ml.

f. Colecta de muestras cecales para estudio del microbioma

Para la extracción de muestras del contenido cecal se hizo un orificio de 1 a 1.5 cm en la parte media del saco ciego del cuy, recogiendo dicho contenido con cucharas de muestreo estériles descartables, aislando las bacterias del medio

con el uso del mechero de Bunsen. El contenido cecal obtenido fue de 1 a 1.5 ml las cuales fueron depositadas en crioviales de 2 ml a razón de dos muestras por animal, las cuales fueron selladas con Parafilm, almacenándolas en ultra congeladora a una temperatura de -80°C con la finalidad de evitar la alteración de las muestras y mantener la viabilidad de los microorganismos (Gorzalak *et al.*, 2015) para su estudio posterior.

Para el análisis de microbioma se utilizaron únicamente las muestras de 24 cuyes machos de las seis edades consideradas para el estudio. El análisis se realizó en un laboratorio externo, mediante la secuenciación 16S.

g. Colecta de muestras para estudio histológico

Para el estudio histológico, se extrajeron muestras de los siguientes órganos del tracto digestivo: (1) estómago, (2) duodeno y (3) de la parte media del saco ciego, con un tamaño de 2 a 3 mm, estas muestras fueron colocadas dentro de un vial con tapa rosca y a fin de preservar la estructura histológica se utilizó el procedimiento descrito por Ross y Pawlina (2007) usando la formalina tamponada al 10%.

Para examinar las muestras se infiltró en formol al 10%, después se lavaron con agua destilada y se deshidrataron en solución de Ottix Shapper®. Luego de ello las muestras se colocaron en Ottix Plus® a fin de lograr el aclarado de las muestras. Por último, las muestras aclaradas fueron sumergidas en parafina fundida a una temperatura de 70°C dentro de una estufa por dos horas. Una vez obtenidas las muestras con la parafina incluida en su interior se formó un bloque, llamado también “taco”, el cual se colocó en un micrótopo, a fin de extraer muestras con un espesor de 7 µm. El procedimiento antes descrito es detallado en la Tabla 5 y Anexo 1

Tabla 5. Protocolo de procesamiento para corte histológico de los tejidos del tracto digestivo del cuy

Procedimiento	Fijación, deshidratación y aclaramiento de tejidos		
	Reactivos	Tiempo	Observación
1	Formol al 10%	5 minutos	Fijador
2	Agua destilada	Lavado	Eliminar el exceso de fijador
3	Ottix shaper® 1	40 minutos	Deshidratante
4	Ottix shaper® 2	40 minutos	Deshidratante
5	Ottix shaper® 3	40 minutos	Deshidratante
6	Ottix plus® 1	40 minutos	Aclarante
7	Ottix plus® 2	40 minutos	Aclarante
8	Ottix plus® 3	40 minutos	Aclarante
9	Parafina 1	1 hora	Rigidez y dureza
10	Parafina 2	1 hora	Rigidez y dureza
11	Confección de tacos: moldes de inclusión	Cortes	7 micras de espesor (microtomo)

Una vez realizados estos pasos las muestras fueron colocadas sobre un portaobjetos y fueron teñidos con hematoxilina - eosina, para luego ser observadas con el equipo de evaluación histológica Cytation 5®. Dicho procedimiento se detalla en el Anexo 2 y 3.

6.5. VARIABLES DE ESTUDIO

6.5.1. VARIABLES EXPLICATIVAS

- Edad (1 día, 7 días, 10 días, 14 días 21 días, 116 días)

- Sexo (macho, hembra)

6.5.2. VARIABLES RESPUESTA

- Relación peso corporal y peso del tubo digestivo
- Peso del intestino delgado en conjunto (g)
- Peso del saco ciego (g)
- Porcentaje de bacterias anaeróbicas de los filos *Bacteroidota*, *Euryarchaeota* y *Firmicutes*
- Longitud de tónicas de la pared estomacal (μm)
- Longitud de tónicas de la pared del duodeno (μm)
- Longitud de tónicas del saco ciego (μm)

6.6. MÉTODOS PARA EL ANÁLISIS ESTADÍSTICO DE DATOS

Los datos generados fueron analizados mediante métodos estadísticos descriptivos utilizando las medias, y desviaciones estándar. Para hacer las comparaciones entre grupos etarios se efectuó el análisis de varianza, para ello primero se realizaron pruebas de normalidad de Shapiro – Wilks, pruebas de homogeneidad de varianza de Bartlett. Para el análisis de varianza se empleó un modelo aditivo lineal que incluyó las fuentes de variación explicativas (sexo y edad), el cual tiene la siguiente representación:

$$Y_{ij} = \mu + E_i + S_j + e_{ij}$$

Donde:

Y_{ij} = variable respuesta

μ = media

E_i = efecto de la i – esima edad

S_j = efecto del j – esimo sexo

e_{ij} = residual

Las comparaciones de medias se efectuaron usando la prueba de Tukey, con un nivel de significancia de 0.05.

Para el análisis estadístico se utilizó el lenguaje de programación R v.4.2 y el entorno de trabajo Rstudio.

VII. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

7.1. PESO DEL TUBO DIGESTIVO Y PROPORCIÓN DEL INTESTINO DELGADO Y SACO CIEGO A DIFERENTES EDADES

En la Tabla 6 se muestra las medias y desviaciones estándar de las características del tracto digestivo, intestino delgado y saco ciego en cuyes de diferentes edades.

Cabe mencionar que se incluyó la variable sexo (macho - hembra) en el análisis estadístico, sin embargo, esto fue para aislar posibles diferencias anatómicas considerando este factor, aunque con los resultados del análisis no se encontraron diferencias significativas asociadas al sexo ($p > 0.05$) (Anexo 7).

Se encontraron diferencias significativas ($p < 0.05$) en cuyes mejorados de la línea comercial 1 (manto rojo) (machos y hembras) al comparar entre edades el peso vivo (PV) y el peso del tracto digestivo, demostrando que en cuyes recién nacidos (1 día de vida) el promedio alcanzado del PV es de 137.48 g y peso del tracto digestivo es de 10.43 g, asimismo, el PV en cuyes adultos de 116 días es de 798.3 g y el peso del tracto digestivo es de 165.93, lo cual indica que hay un crecimiento y desarrollo progresivo de los cuyes, tanto en ganancia de peso como en el tracto digestivo (Figura 4).

Considerando el promedio de los pesos, se puede indicar que la proporción del tracto digestivo en relación al peso vivo en edades de 1, 7, 10, 14, 21 y 116 días de edad equivalen a 7.37%, 17.78%, 17.32%, 19.82%, 22.86% y 20.84% respectivamente, señalando que en cuyes de 21 días la proporción del tracto digestivo es mayor en comparación de cuyes de 116 días, estos resultados indican que los cuyes tienen un desarrollo temprano.

Tabla 6. Características de pesos y proporciones del tracto digestivo, intestino delgado y saco ciego del cuy en diferentes edades.

Órgano	Medidas	EDAD							P-valor
		N	1	7	10	14	21	116	
			Prom ± DS	Prom ± DS	Prom ± DS	Prom ± DS	Prom ± DS	Prom ± DS	
Peso vivo	Peso vivo (PV) (g)	8	137.48 ± 41.10 ^e	178.43 ± 27.88 ^{de}	243.9 ± 70.85 ^{cd}	294.51 ± 31.98 ^{bc}	367.71 ± 38.98 ^b	798.3 ± 140.79 ^a	0.01
Tracto digestivo	Peso del tracto digestivo (g)	8	10.43 ± 4.25 ^e	31.37 ± 5.29 ^d	42.93 ± 16.51 ^d	57.83 ± 4.84 ^c	83.87 ± 11.55 ^b	165.93 ± 29.20 ^a	0.01
	Proporción de tracto digestivo/ peso vivo (%)	8	7.37 ± 1.30 ^c	17.78 ± 3.14 ^b	17.32 ± 3.26 ^b	19.82 ± 2.57 ^{ab}	22.86 ± 2.70 ^a	20.84 ± 2.00 ^{ab}	0.01
	Peso del intestino delgado (g)	8	4.33 ± 1.23 ^e	9.51 ± 1.86 ^d	12.03 ± 4.73 ^{cd}	15.97 ± 2.30 ^{bc}	19.36 ± 5.63 ^b	35.57 ± 4.95 ^a	0.01
Intestino delgado	Proporción del intestino delgado/peso vivo (%)	8	3.19 ± 0.34 ^b	5.38 ± 1.06 ^a	4.85 ± 0.84 ^a	5.42 ± 0.42 ^a	5.22 ± 1.25 ^a	4.50 ± 0.46 ^a	0.01
	Proporción del intestino delgado/ tracto digestivo (%)	8	44.54 ± 9.49 ^a	30.22 ± 1.58 ^b	28.14 ± 2.16 ^{bc}	27.70 ± 3.89 ^{bc}	22.85 ± 5.25 ^c	21.67 ± 2.29 ^c	0.01
	Peso del saco ciego (g)	8	2.55 ± 1.51 ^e	13.19 ± 2.95 ^d	17.93 ± 6.95 ^{cd}	26.23 ± 3.04 ^c	43.04 ± 5.13 ^b	75.22 ± 13.95 ^a	0.01
Saco ciego	Proporción del saco ciego/peso vivo (%)	8	1.74 ± 0.72 ^c	7.45 ± 1.63 ^b	7.31 ± 1.84 ^b	9.07 ± 1.87 ^b	11.82 ± 2.02 ^a	9.50 ± 1.52 ^{ab}	0.01
	Proporción del saco ciego/ tracto digestivo (%)	8	23.38 ± 8.16 ^c	41.80 ± 3.50 ^b	41.92 ± 5.35 ^b	45.42 ± 4.34 ^{ab}	51.72 ± 5.76 ^a	45.52 ± 4.92 ^{ab}	0.01
	Volumen del saco ciego (ml)	8	5.50 ± 4.06 ^d	12.50 ± 4.63 ^d	19.38 ± 9.43 ^{cd}	30.25 ± 14.80 ^c	49.38 ± 10.16 ^b	75.63 ± 17.20 ^a	0.01
	Proporción del volumen del saco ciego/peso vivo (%)	8	3.84 ± 2.85 ^c	7.13 ± 2.70 ^{bc}	8.03 ± 3.06 ^{bc}	10.44 ± 5.23 ^{ab}	13.53 ± 3.18 ^{ab}	9.54 ± 1.91 ^a	0.01
	Proporción del volumen del saco ciego/ tracto digestivo (%)	8	50.52 ± 36.00 ^a	40.05 ± 13.73 ^a	45.83 ± 11.81 ^a	51.68 ± 23.19 ^a	59.00 ± 11.12 ^a	45.65 ± 7.13 ^a	0.47

Leyenda: N = 8 individuos por grupo. Prom = Promedio. DS = Desviación estándar. PV = Peso vivo. Letras diferentes en la misma columna indican diferencias significativas.

Según Romero y Ruiz (2004), los cuyes recién nacidos presentaron un peso promedio de 195.02 g, alcanzando aproximadamente 1100 g en la etapa adulta. Al comparar estos valores con los obtenidos en el presente estudio, se observa que los resultados del presente estudio son relativamente inferiores, lo que podría atribuirse a factores medioambientales y nutricionales que influyen en el crecimiento y desarrollo de los animales. Por otro lado, Jara *et al.* (2018), reportaron pesos vivos promedio de 138.2 g en recién nacidos, 195.8 g a las dos semanas de edad y 854.7 g a las ocho semanas. Los valores registrados en recién nacidos son similares a los del presente estudio; sin embargo, a los 14 días se evidencia una ligera diferencia respecto a los datos de Jara *et al.* (2018), y a los 116 días, el peso vivo obtenido en este estudio fue inferior al reportado por dichos autores. Esta diferencia en la etapa adulta puede estar relacionada con posibles diferencias genéticas o manejo nutricional que tienen impacto sobre la ganancia de peso.

Se encontraron diferencias significativas ($p < 0.05$) en el peso del intestino delgado, en cuyes mejorados de la línea comercial 1 (manto rojo) (machos y hembras) al comparar distintas edades. Los valores obtenidos fueron: 4.33 g al día 1; 9.51 g al día 7; 12.03 g al día 10; 15.97 g al día 14; 19.36 g al día 21; y 35.57 g al día 116. Los resultados evidencian un crecimiento progresivo del intestino delgado con la edad (Figura 4). Se observaron similitudes estadísticas entre los días 7 y 10, entre los días 10 y 14, así como entre los días 14 y 21, lo que indica un desarrollo relativamente gradual durante este periodo. No obstante, las edades extremas (día 1 y día 116) mostraron diferencias significativas con respecto al resto, reflejando, por un lado, la inmadurez del intestino delgado al nacer y, por otro, su plena maduración a los 116 días.

Al comparar estos resultados con los reportados por Romero y Ruiz (2004), se observa una tendencia similar, dichos autores identificaron que el peso promedio del intestino delgado a la edad de 1 día fue de 8.92 g, en cuyes destetados 15.41 g y en cuyes adultos de 30.02 g, a pesar de que en el presente estudio los valores obtenidos son ligeramente más elevados o inferiores en ciertas edades, ambas investigaciones coinciden en el crecimiento gradual del intestino delgado a lo

largo del desarrollo; estas variaciones pueden atribuirse a los factores ya antes mencionados.

En el presente estudio también se analizó la proporción del intestino delgado en relación al peso vivo, teniendo resultados de 3.19% en cuyes de 1 día de vida, 5.38% en cuyes de 7 días, 4.85% en cuyes de 10 días, 5.42% en cuyes de 14 días, 5.22% en cuyes de 21 días y 4.50% en cuyes de 116 días (Figura 5), siendo estas proporciones similares entre los 7, 10, 14, 21 y 116 días, mientras que en cuyes de 1 día de vida la proporción del intestino delgado en relación al peso vivo fue significativamente menor en comparación con las otras edades evaluadas en cuyes ($p < 0.05$). Esto señala que en cuyes recién nacidos el intestino delgado representa una menor proporción del peso corporal total, posiblemente debido a la inmadurez funcional y estructural del sistema digestivo en esa etapa. A partir del 7 día de vida, la proporción se estabiliza, lo que indica que el intestino delgado alcanza rápidamente un desarrollo relativo consistente respecto al peso corporal, necesario para enfrentar los cambios alimenticios y digestivos posteriores al nacimiento.

Además, en el presente estudio también se halló la proporción del intestino delgado en relación al tracto digestivo, teniendo resultados de; 44.54% en cuyes de 1 día de vida, 30.22% en cuyes de 7 días, 28.14% en cuyes de 10 días; 27.70% en cuyes de 14 días, 22.85% en cuyes de 21 días y 21.67% en cuyes de 116 días (Figura 6). Se observó una similitud estadística entre los grupos etarios de 7, 10 y 14 días, así como una continuidad en dicha similitud desde los 10 hasta los 116 días ($p > 0.05$), lo que indica una tendencia estable de la proporción relativa del intestino delgado dentro del sistema digestivo a partir de la segunda semana de vida. No obstante, el valor registrado al primer día de vida fue significativamente mayor en comparación con el resto de las edades ($p < 0.05$), lo que refleja una diferencia marcada y una falta de similitud con los demás grupos. Esta diferencia demuestra que, al nacer, el intestino delgado representa una mayor proporción del sistema digestivo, posiblemente debido a que el saco ciego y otros segmentos aún no han alcanzado un desarrollo funcional y estructural comparable, sobre todo en lo que respecta al saco ciego.

A medida que el animal crece, el saco ciego adquiere un rol más dominante, lo que se traduce en una disminución relativa del intestino delgado respecto al tracto digestivo; según lo señalado por Delaney (2016), el mayor desarrollo de la digestión en conejos y roedores se da en un 65% en el ciego.

También se encontraron diferencias significativas ($p < 0.05$) en cuyes mejorados de la línea comercial 1 (manto rojo) (machos y hembras) al comparar entre edades el peso del ciego teniendo resultados desde día 1, 7, 10, 14, 21 y 116 días de edad con promedios de 2.55 g, 13.19 g, 17.93 g, 26.23 g, 43.04 g y 75.22 g respectivamente, los cuales reflejan un desarrollo constante del saco ciego (Figura 4), órgano clave en la fermentación y digestión, especialmente relevante en la fisiología digestiva de los cuyes.

Romero y Ruiz (2004) reportaron que el peso promedio del saco ciego en cuyes recién nacidos es de 12.58 g, alcanzando 26.17 g en animales destetados y 59.25 g en ejemplares adultos. De manera similar, en el presente estudio se observó un desarrollo progresivo del saco ciego a lo largo de las diferentes etapas de crecimiento; sin embargo, los valores obtenidos no coinciden con los mencionados por dichos autores. Por su parte, Jara *et al.* (2018) registraron pesos inferiores a 1 g en recién nacidos, 19 g a las dos semanas y 68.3 g a las ocho semanas de edad. Al comparar estos datos con los del presente estudio, se evidencian diferencias especialmente en las edades extremas. En la etapa adulta (ocho semanas en el estudio de Jara *et al.* (2018) y 116 días en el presente estudio), la discrepancia puede deberse a la diferencia en la edad de evaluación, lo que indica que el saco ciego continúa su desarrollo más allá de las ocho semanas. Además, otros factores como el ambiente, el tipo de dieta, las diferencias genéticas y el manejo proporcionado a los animales podrían influir en las variaciones observadas.

Además, en el presente estudio, se observó que la proporción del saco ciego en relación al peso vivo fue de 1.74% al día 1 de vida; 7.45% al día 7; 7.31% al día 10; 9.07 % al día 14; 11.82% al día 21; y 9.50% al día 116. Se observa un incremento progresivo en esta proporción hasta los 21 días de edad, lo que evidencia un desarrollo acelerado del saco ciego durante las primeras semanas de vida (Figura 5). Este comportamiento concuerda con lo señalado por Chauca

(1997), quien indica que el ciego de un cuy bien desarrollado puede representar hasta el 15% del peso corporal. Sin embargo, a los 116 días se evidencia un ligero descenso en esta proporción, aunque se mantiene por encima del valor registrado al primer día de vida, lo que indica el crecimiento substancial de esta sección del tubo digestivo. Esta variación podría estar relacionada con cambios fisiológicos propios de la etapa adulta, como la estabilización del crecimiento intestinal y la adaptación funcional al tipo de dieta.

Al respecto hay que señalar que Jara *et al.* (2018) reportaron una proporción ciego/peso vivo de 1% en cuyes recién nacidos, 10% a las dos semanas de vida, y 8% a las ocho semanas. En dicho estudio, la mayor proporción se observó a las cuatro semanas, seguida de un descenso. Al comparar estos resultados con los del presente estudio, se evidencian diferencias en los extremos etarios: si bien ambos estudios coinciden en que la mayor proporción se alcanza alrededor de las tres a cuatro semanas, el presente estudio registra su punto máximo a los 21 días (11.82%), mientras que en el estudio de Jara *et al.* (2018) ocurre a las cuatro semanas (12%). Posteriormente, ambos estudios evidencian un descenso en la proporción durante la etapa adulta, aunque en el presente trabajo la disminución es más gradual (9.50% a los 116 días) en comparación con el descenso más marcado reportado por Jara *et al.* (2018).

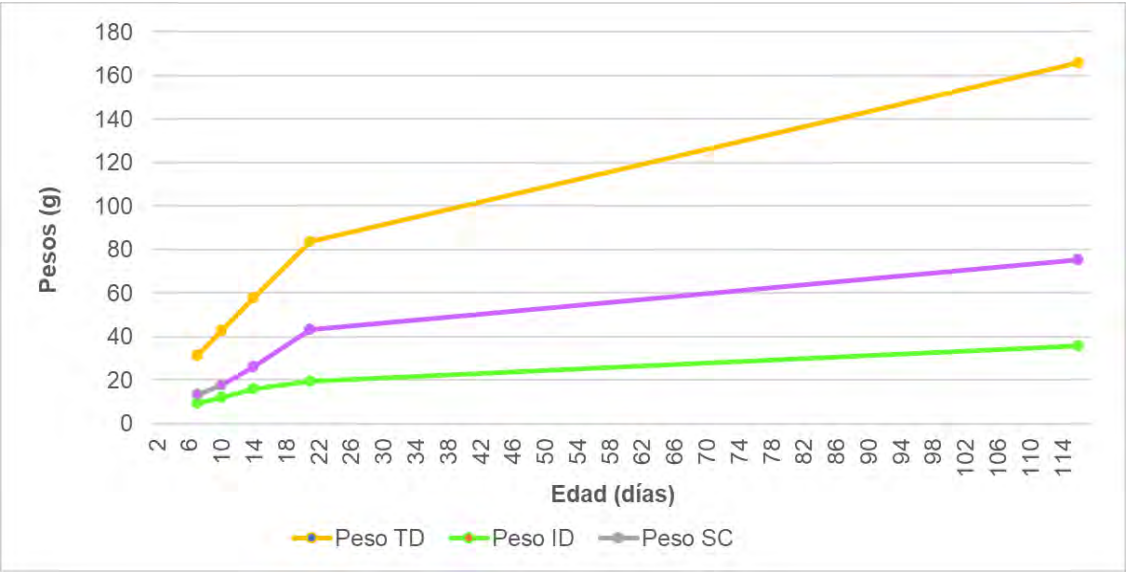
También se destaca en el presente estudio que la proporción del saco ciego en relación al tracto digestivo en diferentes edades tuvo como resultado; 1 día de edad, el 23.38%; mientras que a los 7 días de vida la proporción del saco ciego respecto al peso total del tubo digestivo, fue del 41.80%; a los 10 días, del 41.92%; además a los 14 días fue del 45.42%, a los 21 días alcanzó el 51.72% y finalmente a los 116 días llegó a representar el 45.52% del peso del total del tubo digestivo. Estas proporciones muestran una notable similitud entre los 7, 10, 14 y 116 días de edad, y especialmente entre los 14, 21 y 116 días, lo que muestra que, a partir de la primera semana de vida, el saco ciego adquiere una participación dominante dentro del sistema digestivo del cuy (Figura 6). Este desarrollo temprano y sostenido del saco ciego está estrechamente relacionado con su función fermentativa, indicando una mayor capacidad para descomponer

la fibra vegetal y, por tanto, un mejor aprovechamiento de los nutrientes presentes en la dieta (Chauca, 1997).

En lo que respecta al volumen de saco ciego en relación a edad, se encontraron diferencias significativas ($p < 0.05$) respecto al volumen del saco ciego en cuyes en función de las diferentes edades evaluadas. En ese sentido se observó que el volumen del saco ciego aumento progresivamente en función a la edad, presentando valores en recién nacidos de 5.50 ml, llegando hasta 75.63 ml en cuyes adultos (116 días de edad). Teniendo un desarrollo marcado a partir de los 14 días de edad con 30.25 ml, lo cual muestra que hay un crecimiento considerable en el desarrollo del saco ciego conforme el cuy madura y cambia su alimentación a una dieta en base a fibra y guardando relación con el incremento del peso del saco ciego.

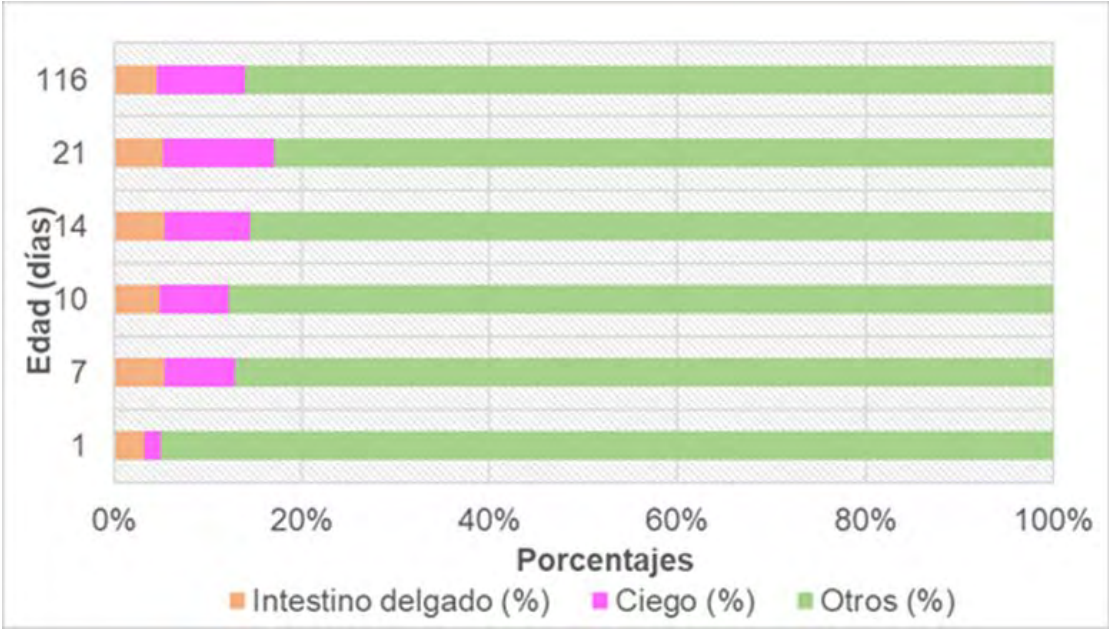
Respecto a la proporción de volumen en relación al peso vivo, presentó diferencias significativas ($p < 0.05$) con un desarrollo progresivo hasta los 21 días con 13.53%, lo cual refleja una mayor eficiencia funcional del saco ciego en edades tempranas; sin embargo, a los 116 días disminuyó levemente a 9.54%, que puede deberse a un crecimiento corporal más acelerado. En contraste, la proporción del volumen del saco ciego respecto al tracto digestivo, no presentó diferencias significativas entre edades ($p > 0.05$), lo que refleja un crecimiento proporcional del saco ciego con el resto del tracto digestivo. Estos resultados confirman que el desarrollo del saco ciego es acelerado en edades tempranas, especialmente en la fase de destete donde hay un cambio en la alimentación; es decir, pasa de una dieta líquida (leche materna) a una dieta sólida (forrajes/pasto). Al comparar estos resultados con los de Romero y Ruiz (2004), se observa que los volúmenes son considerablemente mayores en etapas similares (37.2 ml en neonatos, 73.0 ml en fase de destete y 128.5 ml en adultos a 90 días). Estas discrepancias pueden ser debidas a las diferencias genéticas de los animales evaluados, el manejo alimenticio, o a diferencias en la metodología empleada para la medición, así como al hecho de que las edades evaluadas en la etapa adulta no coinciden exactamente entre ambos estudios. A pesar de estas diferencias, ambos estudios coinciden en resaltar el notable

desarrollo del saco ciego durante el crecimiento del cuy, lo que confirma su importancia funcional dentro del sistema digestivo de esta especie.



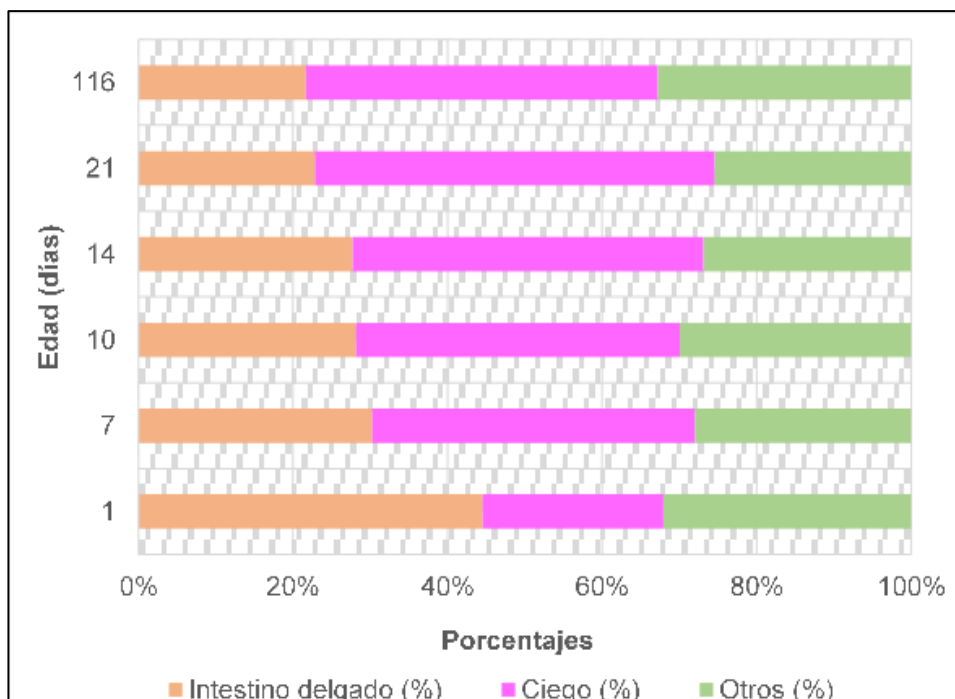
Leyenda: TD = Tracto digestivo; ID = Intestino delgado; SC = Saco ciego

Figura 4. Desarrollo del tracto digestivo y sus componentes (intestino delgado y saco ciego) del cuy en de diferentes edades



Leyenda: Otros = carcasa, sangre, pelo, órganos anexos, estómago, intestino grueso (colon y recto), corazón, pulmones, huesos, sangre, grasa

Figura 5. Proporción de intestino delgado y saco ciego en relación al peso vivo del cuy en diferentes edades evaluadas



Leyenda: Otros = Esófago, estómago, grasa y sangre

Figura 6. Proporción del intestino delgado y saco ciego en relación al tracto digestivo del cuy en diferentes edades evaluadas

7.2. ESTRUCTURA HISTOLÓGICA DEL ESTÓMAGO, DUODENO Y DEL SACO CIEGO DE CUYES EN DIFERENTES EDADES EVALUADOS

En la Tabla 7 se muestran las medias y desviaciones estándar de las características histológicas del estómago, duodeno y saco ciego del cuy en diferentes edades. Se encontraron diferencias significativas ($p < 0.05$) en cuyes mejorados de la línea comercial 1 (manto rojo) (machos y hembras) al comparar entre edades las tunicas de los órganos: estómago, duodeno y saco ciego.

Cabe mencionar que se incluyó la variable sexo (macho - hembra) en el análisis estadístico, sin embargo, esto fue para aislar posibles diferencias histológicas. Los resultados señalaron que no se encontraron diferencias significativas ($p > 0.05$) en las tunicas del estómago, duodeno y saco ciego del cuy (Anexo 8), sin embargo, en cuanto a las vellosidades del duodeno se encontraron diferencias significativas ($p < 0.05$) en la variable sexo siendo en el caso de hembras $404.05 \mu\text{m}$ y en machos $462.52 \mu\text{m}$ (Anexo 9).

7.2.1. ESTRUCTURA HISTOLÓGICA DEL ESTÓMAGO DE CUYES EVALUADOS

El desarrollo histológico del estómago en cuanto a la túnica serosa y muscular no presentó diferencias significativas ($p>0.05$) entre grupos etarios, aunque se observó un incremento en su espesor, alcanzando los valores más altos a los 21 días (162.73 μm) y 116 días (159.17 μm). Esto podría estar asociado al crecimiento general del órgano y al incremento del volumen estomacal, más que a una modificación estructural propia de esta túnica.

Tabla 7. Características histológicas del estómago, duodeno y saco ciego del cuy en diferentes edades

Órgano	Túnicas (µm)	Edad									
		1		7		10		14		21	
		N	Prom ± DS	N	Prom ± DS	N	Prom ± DS	N	Prom ± DS	N	Prom ± DS
Estómago	T Serosa+Muscular	7	136.83 ± 53.67 ^a	6	95.78 ± 28.59 ^a	6	140.07 ± 61.17 ^a	5	151.08 ± 57.25 ^a	7	162.73 ± 47.76 ^a
	T Muscular longitudinal	8	14.56 ± 7.75 ^a	8	19.98 ± 10.6 ^a	8	22.84 ± 14.12 ^a	6	29.23 ± 12.56 ^a	8	33.38 ± 18.65 ^a
	T Muscular circular	7	85.03 ± 34.34 ^a	8	70.39 ± 28.52 ^a	7	91.69 ± 36.97 ^a	6	70.90 ± 34.04 ^a	8	109.80 ± 39.27 ^a
	T Submucosa	8	47.23 ± 32.49 ^{ab}	8	52.48 ± 20.73 ^{ab}	6	47.17 ± 27.85 ^{ab}	7	58.80 ± 27.90 ^{ab}	7	43.29 ± 21.86 ^b
	L Muscularis mucosae	7	8.63 ± 2.20 ^b	8	8.81 ± 4.03 ^b	8	11.59 ± 2.33 ^{ab}	8	10.24 ± 3.37 ^{ab}	8	9.21 ± 2.05 ^b
	T Mucosa	7	178.53 ± 32.86 ^c	7	219.60 ± 33.29 ^{bc}	7	227.64 ± 47.02 ^{bc}	8	299.73 ± 85.24 ^{ab}	8	282.41 ± 59.66 ^{ab}
Duodeno	T Muscular longitudinal	8	9.90 ± 2.68 ^{ab}	8	11.90 ± 3.75 ^{ab}	6	8.78 ± 1.91 ^b	7	11.61 ± 2.92 ^{ab}	8	14.08 ± 3.31 ^a
	T Muscular circular	8	42.98 ± 13.67 ^b	8	39.35 ± 17.31 ^b	8	52.43 ± 11.78 ^{ab}	8	49.56 ± 19.24 ^{ab}	8	41.78 ± 7.37 ^b
	T Submucosa	8	40.91 ± 15.84 ^{ab}	8	30.88 ± 11.54 ^b	8	58.99 ± 23.78 ^{ab}	8	58.66 ± 33.90 ^{ab}	8	52.25 ± 24.11 ^{ab}
	T Mucosae	8	7.65 ± 2.17 ^a	8	8.81 ± 3.68 ^a	8	10.53 ± 5.12 ^a	8	8.55 ± 2.80 ^a	8	8.85 ± 1.97 ^a
	Vellosidades	46	368.73 ± 115.15 ^b	48	374.14 ± 140.11 ^b	46	452.39 ± 198.94 ^{ab}	48	468.86 ± 157.16 ^a	46	462.42 ± 186.94 ^a
Ciego	T Serosa + Muscular	8	157.55 ± 52.73 ^a	8	119.88 ± 55.87 ^a	8	119.66 ± 34.62 ^a	8	120.48 ± 37.24 ^a	6	114.71 ± 63.31 ^a
	T Muscular longitudinal	8	15.4 ± 5.11 ^a	8	11.68 ± 6.48 ^a	8	14.7 ± 11.66 ^a	8	10.5 ± 2.26 ^a	8	13.81 ± 7.24 ^a
	T Muscular circular	8	116.83 ± 51.08 ^a	8	95.69 ± 49.38 ^a	8	91.86 ± 22.92 ^a	8	92.44 ± 38.84 ^a	8	126.34 ± 98.44 ^a
	T Submucosa	8	73.06 ± 31.75 ^a	7	49.32 ± 16.89 ^a	7	79.44 ± 31.97 ^a	8	63.11 ± 29.41 ^a	6	60.6 ± 24.50 ^a
	L Muscular de la mucosa	8	7.65 ± 2.01 ^{bc}	8	8.93 ± 1.84 ^{abc}	8	7.78 ± 1.97 ^{bc}	8	10.32 ± 4.87 ^a	8	6.96 ± 1.61 ^c
	T Mucosa	8	190.3 ± 29.38 ^a	8	136.53 ± 46.29 ^a	7	194.78 ± 127.76 ^a	8	163.65 ± 64.26 ^a	6	196.38 ± 79.39 ^a

Leyenda: N = Número de individuos por grupo. Prom = promedio. DS = Desviación estándar. T= Túnica. L= Lámina. Letras diferentes en la misma columna indican diferencias significativas (p < 0.05)

Los datos reportados por Hiyagon (2014) indican que el espesor seroso y muscular fue de 112.8 μm al primer día, 127.3 μm al día 7, 133.2 μm al día 10, 264.2 μm al día 14 y 258.2 μm a edad adulta (120 días). Al hacer una comparación con el presente estudio se señala que ambos muestran un desarrollo progresivo del espesor de la túnica serosa y muscular conforme avanza la edad del animal, lo cual es coherente con el proceso natural de desarrollo histológico durante el crecimiento posnatal. Este engrosamiento podría deberse a la maduración del tejido conectivo.

Hiyagon (2014) además encontró un valor promedio de 258.2 μm de la túnica serosa y muscular en la edad adulta, notablemente mayor al reportado en este estudio (159.17 μm) a la edad de 116 días. Estas diferencias podrían atribuirse a distintos factores como el método de procesamiento histológico, la localización anatómica específica del corte en el estómago, diferencias genéticas o de alimentación entre los animales utilizados, o variabilidad en el tamaño muestral y las diferencias en las edades evaluadas.

En las etapas más tempranas, los valores entre ambos estudios son más cercanos. A los 10 días, por ejemplo, se observa una proximidad considerable entre los 140.07 μm del presente estudio y los 133.2 μm reportados de Hiyagon (2014), lo que indicaría que, en fases iniciales del desarrollo, el espesor seroso y muscular presenta menor variabilidad y responde a una madurez más uniforme entre estudios. Sin embargo, a partir de los 14 días, el trabajo de Hiyagon (2014) muestra un aumento más pronunciado, lo que podría reflejar una aceleración del desarrollo seroso y muscular en ese grupo específico de animales a comparación del presente estudio.

En el caso de la túnica muscular, estas fueron evaluadas individualmente (muscular longitudinal y circular). En cuanto a la túnica muscular longitudinal, los valores muestran un incremento de 14.56 μm (día 1) hasta 33.38 μm (día 21), presentando una ligera disminución a 22.92 μm en cuyes de 116 días. Los resultados no muestran diferencias significativas, pero indica un crecimiento inicial que permite mejorar la motilidad gástrica a medida que el animal inicia el consumo de alimento sólido, con una estabilización estructural en la edad adulta (116 días). En la muscular circular, también se evidenció un crecimiento progresivo desde el

nacimiento hasta la edad adulta (116 días), llegando a alcanzar hasta los 119.63 μm sin diferencias significativas entre edades ($p>0.05$). Esta túnica es esencial para la contracción rítmica del estómago, sigue una trayectoria de desarrollo similar a la longitudinal, adaptándose a las exigencias digestivas del animal ocasionando el crecimiento del grosor (Gartner, 2017)

La túnica submucosa mostró un crecimiento importante, pasando de 43.29 μm (día 21) a 87.30 μm (día 116), con diferencias significativas entre ambas edades. Este incremento está probablemente relacionado con el aumento en la vascularización, plexo nervioso y tejido conectivo (Ross y Pawlina, 2020), fundamentales para sostener funcionalmente a las túnicas internas del estómago.

La *muscularis mucosae* también evidenció desarrollo estructural, aumentando de 8.63 μm (día 1) hasta 14.03 μm (día 116), con diferencias significativas entre edades tempranas y la adulta ($p<0.05$). Esta túnica colabora activamente en el movimiento del epitelio y en la regulación de secreciones gástricas (Ross y Pawlina, 2020), mostrando una maduración continua.

La túnica mucosa del estómago, presentó los cambios más notorios, creciendo desde 178.53 μm (día 1) hasta 336.88 μm (día 116), con diferencias significativas ($p<0.05$). Esta túnica es clave en la secreción, absorción y defensa inmunológica, representa el mejor indicador del desarrollo funcional del estómago (Ross y Pawlina, 2020). Su evolución refleja el aumento en la capacidad digestiva del animal a medida que crece y se alimenta de forma independiente. Este proceso es clave para permitir la transición de una dieta predominantemente líquida durante la lactancia, hacia una dieta sólida rica en fibra.

Los resultados reportados por Hiyagon (2014), destacan que durante los primeros 14 días de la túnica mucosa son consistentemente más altos que los del presente estudio, especialmente a los 1, 7 y 10 días, demostrando que los animales evaluados podrían haber tenido un ritmo de desarrollo tisular más acelerado. Esta discrepancia puede explicarse por varios factores como la variabilidad genética entre las poblaciones de cuyes utilizadas en ambos estudios, diferencias en el ambiente de crianza, tipo de forraje, manejo sanitario y exposición a microbiota intestinal, además de posibles diferencias metodológicas en el procesamiento

histológico y en la delimitación del espesor de la mucosa y lo que podría influir en la precisión de las mediciones. A pesar de estas diferencias, ambos estudios coinciden en destacar que el espesor de la mucosa gástrica aumenta con la edad, lo que respalda la existencia de una trayectoria fisiológica común relacionada con la maduración del sistema digestivo.



Leyenda: a. Mucosa, b. *Muscularis mucosae*, c. Submucosa, d. Muscular circular, e. Muscular longitudinal

Figura 7. Corte histológico del estómago del cuy a la edad de 116 días

7.2.2. ESTRUCTURA HISTOLÓGICA DEL DUODENO DE CUYES

En el presente estudio se evaluó también las tunicas del duodeno en cuyes de distintos grupos etarios, observándose un crecimiento progresivo que refleja la maduración funcional del intestino delgado.

En particular, la túnica muscular longitudinal del duodeno, mostró un incremento sostenido desde los 8.78 μm a los 10 días hasta 14.08 μm a los 21 días, manteniéndose elevada a los 116 días (13.60 μm). Este aumento indica un fortalecimiento de la musculatura longitudinal, esencial para la motilidad intestinal durante la transición del destete. Por su parte, la túnica muscular circular presentó variabilidad entre las edades tempranas, con valores bajos al día 1 y 7 días (42.98 y 39.35 μm respectivamente), seguidos de un incremento a los 10 y 14 días (52.43 y 49.56 μm) y alcanzando un valor máximo de 74.99 μm en cuyes de 116 días. De

acuerdo a los resultados se manifiesta un notable incremento en animales adultos sugiriendo una madurez funcional del sistema digestivo.

La túnica submucosa del duodeno, también mostró un crecimiento progresivo, desde los 30.88 μm a los 7 días hasta 77.70 μm en los adultos de 116 días, reflejando una mayor vascularización y soporte estructural necesario para un intestino funcionalmente activo. En contraste, la túnica *mucosae* mantuvo valores de 7.65 μm (1 día) y 7.39 μm (116 días), llegando a un pico de 10.53 μm (10 días), sin presentar diferencias significativas, indicando que su desarrollo ocurre a temprana edad, probablemente antes del primer día evaluado.

Por otro lado, las vellosidades intestinales del duodeno, mostraron un crecimiento sostenido y claramente significativo a lo largo del tiempo. Al día 1 y 7 días, presentaron promedios de 368.73 μm y 374.14 μm respectivamente, aumentando a 452.39 μm a los 10 días y alcanzando máximos de 478.03 μm a los 116 días. Este incremento en la longitud de las vellosidades es indicativo de una mayor superficie de absorción, un aspecto fundamental en la fisiología digestiva. Las vellosidades son proyecciones que se extienden hasta la luz intestinal lo que permite una mayor eficiencia en la captación de nutrientes y absorción de agua (Ross y Pawlina, 2020).

Arce (2016), observó que la altura de las vellosidades duodenales en cuyes mejorados fue de 230.76 μm en promedio en edades adultas (51 días). En contraste, en el presente estudio, se observó una altura de 478.03 μm en cuyes de 116 días, lo que representa un incremento considerable de más del doble en la longitud de las vellosidades. Este marcado aumento evidencia que el desarrollo y maduración estructural del epitelio intestinal continúa significativamente después de los 51 días, lo cual es coherente con el crecimiento fisiológico y las necesidades digestivas crecientes del animal conforme llega a la madurez.

La elongación de las vellosidades en edades más avanzadas está estrechamente relacionada con una mayor capacidad de absorción de nutrientes, ya que una mayor superficie permite una absorción más eficiente, especialmente en animales alimentados con dietas ricas en fibra, como es común en sistemas de producción de cuyes. Esta diferencia también podría reflejar la influencia de factores como la

edad fisiológica, el peso corporal y el nivel de madurez intestinal, que son mayores en cuyes de 116 días respecto a los de 51 días evaluados por Arce (2016).

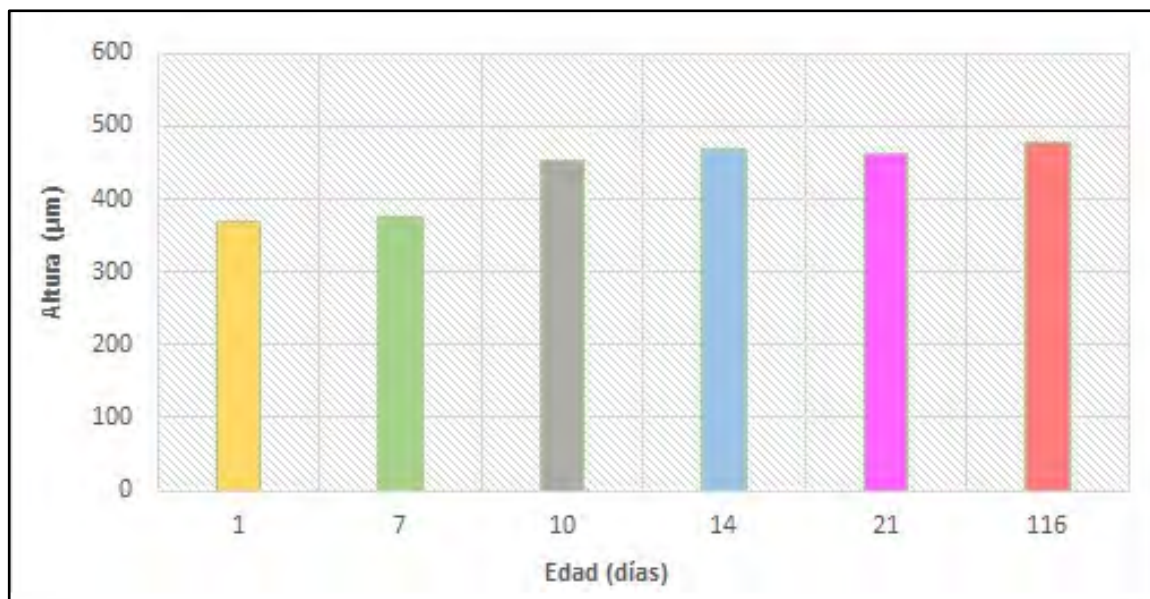


Figura 8. Crecimiento de vellosidades del duodeno de cuyes evaluados en función de la edad



Legenda: a. Vellosidades, b. *Túnica mucosae*, c. Submucosa, d. Muscular circular

Figura 9. Corte histológico del duodeno del cuy a la edad de 21 días

7.2.3. ESTRUCTURA HISTOLÓGICA DEL CIEGO DE CUYES

En la túnica serosa y muscular del saco ciego, evidenció un grosor de 157.55 μm al nacimiento, disminuyendo ligeramente a los 7 días (119.88 μm) y manteniéndose relativamente estable en los días siguientes: 119.66 μm (10 días), 120.48 μm (14 días) y 114.71 μm (21 días), para luego incrementarse nuevamente a edad de 116 días (195.72 μm). Aunque no se encontraron diferencias significativas ($p > 0.05$), este comportamiento indica una maduración temprana, con un crecimiento a los 116 días que podría deberse a una mayor exigencia funcional del saco ciego, relacionada con la digestión de una dieta sólida más compleja y el establecimiento del microbioma intestinal más activa, la cual estimula el desarrollo de las capas tisulares externas. Se ha demostrado que el microbioma tiene un efecto directo sobre la expresión génica en el intestino, incluyendo genes relacionados con la secreción de mucina y la integridad de la barrera epitelial, lo que implica una influencia significativa en el desarrollo y mantenimiento funcional de estas capas protectoras (Tang *et al.*, 2022).

En el presente estudio y el de Huamaní (2023) se evaluaron el espesor de la túnica serosa del cuerpo del ciego en animales en distintas edades tempranas y en edad adulta. Sin embargo, los resultados muestran comportamientos y magnitudes distintas entre los grupos.

Respecto a los valores de la túnica serosa + muscular, estos fluctúan entre 157.55 y 114.71 μm en edades tempranas (1 a 21 días), con un incremento en adultos (116 días) hasta 195.72 μm , siendo todos los valores estadísticamente similares entre sí. En contraste, Huamaní (2023) reportó valores menores y decrecientes más constantes, que van desde los 163.23 μm (primer día de vida) y 99.21 μm (60 días), luego se incrementa a 115.79 μm a los 120 días, lo que es inferior al valor del presente estudio en cuyes adultos. Estas discrepancias podrían deberse a distintos factores como: diferencias en la técnica histológica, en la fijación tisular, en la raza o genética de los animales, así como en el tipo de alimentación suministrada. Además, la mayor dispersión (desviación estándar) en los datos del presente estudio demuestra una mayor variabilidad individual. Los resultados del presente estudio también reflejan un espesor de la capa serosa + muscular, más alta en la edad de 116 días, que el registrado por Huamaní (2023) a los 120 días,

lo cual podría interpretarse como una respuesta adaptativa a un entorno funcional más exigente, posiblemente por cambios en la dieta o presencia de agentes microbiológicos que estimulan un engrosamiento de la túnica externa del saco ciego. Por otro lado, los valores altos iniciales también podrían reflejar características propias de la maduración postnatal.

En relación a la túnica muscular longitudinal del ciego correspondiente al músculo liso externo del saco ciego, mostró valores que oscilaron entre 10.5 μm (día 14) y 15.4 μm (día 1), no se encontraron diferencias significativas entre los grupos etarios ($p>0.05$). Este comportamiento relativamente constante refleja que esta túnica alcanza un grado funcional maduro desde edades tempranas, y no sufre modificaciones importantes conforme avanza la edad del animal.

Los resultados obtenidos para la túnica muscular circular del saco ciego, correspondiente al músculo liso interno del saco ciego, muestran valores que oscilan entre 91.86 μm (día 10) y 152.48 μm (día 116). Aunque al nacimiento se registra un grosor de 116.83 μm , entre los 7 y 14 días los valores se mantienen relativamente estables. No obstante, a partir de los 21 días se evidencia una tendencia creciente en el espesor de esta capa conforme avanza la edad. Este patrón de desarrollo podría estar asociado a una mayor exigencia funcional del saco ciego, en especial por el aumento en la ingesta de alimento sólido y el consecuente incremento en la formación y movilización del contenido intestinal y la masa fecal.

En cuanto a la túnica submucosa del saco ciego, los valores oscilaron entre 49.32 μm día 7 y 79.44 μm (día 10), sin diferencias estadísticas ($p>0.05$) entre los grupos. La variabilidad observada podría estar influida por factores fisiológicos como la distensión del ciego, la actividad inmunológica en esta región o la hidratación del tejido, ya que la submucosa contiene abundante tejido conectivo y estructuras vasculares (Ross y Pawlina, 2020).

La lámina muscular de la mucosa del saco ciego fue la única que presentó diferencias estadísticas significativas entre edades ($p<0.05$). Se registraron valores mínimos en los animales de 21 días (6.96 μm), y máximos en los de 14 días (10.32 μm) y 116 días (10.06 μm). Esta lámina, compuesta por músculo liso

fino asociado a la mucosa, parece experimentar un desarrollo funcional importante conforme se establece el tránsito intestinal y la función digestiva. El engrosamiento observado en animales de mayor edad puede asociarse a una mayor actividad de absorción y a la interacción con el microbioma intestinal (Gartner, 2017).

Se observó también el desarrollo de la túnica mucosa del saco ciego, presentó una evolución no lineal a lo largo del desarrollo, con un valor elevado al nacimiento (190.3 μm), fluctuaciones en las primeras semanas, y una reducción en la adultez (132.8 μm a los 116 días). Esta disminución en etapas avanzadas podría explicarse por la estabilización estructural del órgano, una menor exigencia tras alcanzar la madurez funcional, y posibles influencias metabólicas. Además, factores como la dieta, el entorno y la variabilidad individual pueden haber influido en esta tendencia. En conjunto, los datos demuestran que el grosor de la mucosa del saco ciego depende más de demandas funcionales que de un crecimiento estructural sostenido. Siendo esta capa fundamental para la absorción de ácidos grasos volátiles, protección epitelial frente a los productos de fermentación, y defensa frente a microorganismos, funciones que son fundamentales para el mantenimiento de la salud del intestino en el cuy (Muhson et al., 2022).

Por su parte, Huamaní (2023) reportó un comportamiento variable en el espesor de la túnica mucosa del cuerpo del ciego, con valores que fluctúan entre 140 μm al día uno y 215.08 μm al día 120. Aunque se observó un incremento marcado hasta alcanzar un pico máximo de 277.17 μm al día 45, los datos no siguen un patrón lineal, sino que presentan oscilaciones a lo largo del tiempo. A partir de los 60 días, se evidencia una tendencia descendente en el grado de engrosamiento, lo que es una posible fase de reorganización estructural o ajuste funcional del tejido mucoso en etapas posteriores del desarrollo.

7.3. COMPOSICIÓN MICROBIOLÓGICA DEL CONTENIDO CECAL EN CUYES DE DIFERENTES EDADES

En la Tabla 8 se muestran las medias y las desviaciones estándar de la bacteria del filo *Bacteroidota* presentes en cuyes de diferentes edades.

Se encontraron diferencias significativas ($p < 0.05$) al comparar entre edades de cuyes mejorados machos comercial 1 (manto rojo) en la bacteria del filo *Bacteroidota*, demostrando que en cuyes recién nacidos (1 día) el promedio alcanzado fue superior (37.79%), en comparación a las demás edades; sin embargo, a la edad de 14 días presentó un promedio mínimo de 16.04% (UN 10), esta variación se debe a que los cuyes de esa edad son destetados y la alimentación cambia a una dieta de forraje + alimento balanceado. Estos resultados son similares a los principales filos encontrados en el estudio de Velasco *et al.*, (2018) en conejos de 66 días de edad, los resultados respecto al filo *Bacteroidota* fue de 7.46%, mientras que en el presente estudio en cuyes de 116 días el porcentaje de este filo fue de 19.94%, estas diferencias pueden deberse a que las especies estudiadas (conejos vs. cuyes) y la edad son diferentes.

Tabla 8. Porcentaje de microorganismos del filo *Bacteroidota* presentes en el saco ciego de cuyes, de acuerdo a los grupos etarios evaluados

Edad	N	<i>Bacteroidota</i> (%)			
		Promedio $\pm$ DS	Mínimo	Máximo	Error estándar
1 día	4	37.79 $\pm$ 14.75 ^b	18.34	49.42	4.78
7 días	4	26.89 $\pm$ 8.49 ^{ab}	15.31	35.65	4.78
10 días	4	16.56 $\pm$ 12.72 ^{ab}	7.09	34.62	4.78
14 días	4	16.04 $\pm$ 9.17 ^a	6.62	27.85	4.78
21 días	4	23.27 $\pm$ 1.81 ^{ab}	21.42	25.59	4.78
116 días	4	19.94 $\pm$ 3.25 ^{ab}	15.58	23.41	4.78

Leyenda: N= cuatro individuos por grupo. DS= Desviación estándar. Letras diferentes en la misma columna indican diferencias significativas ($p < 0.05$)

Frías *et al.* (2023a) reportaron que el filo *Bacteroidota* fue uno de los más predominantes en cuyes de la raza Perú entre los 70 y 90 días de edad (37.74%), siendo superior a lo encontrado en el presente estudio en cuyes de 116 días (19.94%); sin embargo la proporción es similar a la observada en cuyes recién nacidos (37.79%). Esta estabilidad temprana evidencia una colonización cecal precoz, influenciada por factores como la dieta, carga genética y ambiente; importante en la fermentación y descomposición de carbohidratos (Lopardo, 2019). Asimismo, Frías *et al.* (2023b) señalaron que cuyes de la raza Perú (fenotípicamente similar a la línea comercial 1 (manto rojo), del presente estudio) es más susceptible al ayuno, mostrando una disminución en la relación de *Firmicutes/Bacteroidetes* y un aumento significativo de la clase *Bacteroidia*. Los resultados del presente estudio coinciden, identificando a *Bacteroidota* como uno de los filos más abundantes, y a *Bacteroidia* como clase dominante, con 42.47% en neonatos y 19.20% en cuyes de 116 días.

Tabla 9. Porcentaje de microorganismos del filo Euryarchaeota presentes en el saco ciego de cuyes, de acuerdo a los grupos etarios evaluados

Edad	N	<i>Euryarchaeota</i> (%)			
		Promedio $\pm$ DS	Mínimo	Máximo	Error estándar
1 día	4	2.81 $\pm$ 2.40 ^a	0.00	5.70	3.04
7 días	4	3.55 $\pm$ 3.88 ^a	0.22	9.09	3.04
10 días	4	3.62 $\pm$ 2.02 ^a	1.48	5.73	3.04
14 días	4	1.68 $\pm$ 0.32 ^a	1.26	1.97	3.04
21 días	4	7.13 $\pm$ 13.09 ^a	0.01	26.73	3.04
116 días	4	7.21 $\pm$ 5.06 ^a	0.16	12.22	3.04

Leyenda: N= cuatro individuos por grupo. DS= Desviación estándar. Letras diferentes en la misma columna indican diferencias significativas (p<0.05)

En la Tabla 9 se muestran las medias y las desviaciones estándar de la bacteria del filo *Euryarchaeota* presentes en cuyes de diferentes edades.

No se encontraron diferencias significativas ($p>0.05$) al comparar entre edades de cuyes mejorados machos de la línea comercial 1 (manto rojo) en la bacteria del filo *Euryarchaeota*. Los resultados indican que el filo *Euryarchaeota* en el saco ciego de cuyes fue baja durante las primeras etapas de vida, con promedios de 2.81% al día 1, 3.55% a los 7 días, 3.62% a los 10 días y un descenso a 1.68% a los 14 días. A partir de los 21 días se observa un incremento en el promedio de 7.13% (respecto del periodo anterior de evaluación), manteniéndose hasta los 116 días con 7.21% (Figura 10), aunque con alta variabilidad individual. La mayor abundancia en edades avanzadas podría estar relacionada con la maduración del microbioma cecal, el aumento de actividad fermentativa y el cambio de dieta.

Velasco *et al.* (2018) reportaron la presencia del filo *Euryarchaeota* en bajas proporciones en conejos de 66 días de edad, destacando la detección del género *Methanobrevibacter* (0.061%) perteneciente a la clase *Methanobacteria*. En contraste, en el presente estudio se observó una mayor abundancia de *Euryarchaeota* en cuyes de 116 días (7.21%). Según los mismos autores, *Methanobrevibacter* cumple un papel clave en la producción de metano a través del consumo de hidrógeno, lo que favorece la continuidad y eficiencia de la fermentación microbiana. Esta discrepancia puede atribuirse a las diferencias entre las especies evaluadas (conejos vs. cuyes) aunque estas son especies que tienen el aparato digestivo similar, así como a otros factores que pueden influir en la composición microbiana, como el tipo de alimentación, las condiciones de manejo y el entorno ambiental.

Tabla 10. Porcentaje de microorganismos del filo Firmicutes presentes en el saco ciego de cuyes, de acuerdo a los grupos etarios evaluados

Edad	N	<i>Firmicutes</i> (%)			
		Promedio $\pm$ DS	Mínimo	Máximo	Error estándar
1 día	4	15.75 $\pm$ 0.74 ^a	14.78	16.46	2.25
7 días	4	14.57 $\pm$ 6.20 ^a	6.82	20.05	2.25
10 días	4	19.54 $\pm$ 5.68 ^a	13.65	26.54	2.25
14 días	4	17.94 $\pm$ 4.74 ^a	11.15	22.20	2.25
21 días	4	23.78 $\pm$ 3.82 ^a	19.24	28.25	2.25
116 días	4	18.10 $\pm$ 3.55 ^a	12.95	20.99	2.25

Leyenda: N= cuatro individuos por grupo. DS= Desviación estándar. Letras diferentes en la misma columna indican diferencias significativas ($p < 0.05$)

En la Tabla 10 se muestran las medias y las desviaciones estándar de la bacteria del filo *Firmicutes* presentes en cuyes de diferentes edades.

No se encontraron diferencias significativas ($p > 0.05$) en la abundancia relativa del filo *Firmicutes* al comparar las diferentes edades en cuyes mejorados machos de la línea comercial 1 que fue evaluada ($p > 0.05$). Sin embargo, se observó que a los 21 días los cuyes presentaron un promedio del 23.78% relativamente mayor en comparación a las demás edades, mientras que a los 7 días se registró el valor más bajo de 14.57% (Figura 10). Por otro lado, *Firmicutes* también fue uno de los filos más abundantes reportados por Velasco *et al.* (2018), con una proporción del 76.55% en conejos de 66 días de edad. En contraste, en el presente estudio se halló una abundancia de solo 18.10% en cuyes de 116 días. Esta diferencia podría explicarse por las variaciones entre especies (conejos vs. cuyes), así como por factores adicionales como la edad de evaluación, pero sobre todo podría deberse al tipo de alimentación y las condiciones de manejo, ya que en el caso de los cuyes evaluados, la dieta se basó sobre todo en uso de forraje y el tipo de crianza en pozas ubicadas a nivel del suelo, respecto del caso de conejos que fueron criados

en sistemas de jaulas elevadas y con alimentación basada en pellets suplementado, y del ambiente propio de los lugares de estudio.

Según Frías *et al.* (2023a) en el estudio identificaron que la raza Perú tuvo mayor índice de riqueza y diversidad en comparación a las otras razas, uno de los principales cuatro filos encontrados son los *Firmicutes* con un porcentaje del 49.38% en la raza Perú. No se encontró relación de los resultados del presente estudio con los obtenidos por Frías *et al.* (2023a), esto puede ser consecuencia de factores medioambientales y la alimentación.

Asimismo, Frías *et al.* (2023b) evaluando cuyes mantenidos en condiciones de ayuno, observaron que en los cues de raza Perú e Inti, cuentan con una tendencia a un mayor índice Shannon y una ligera disminución en el índice Chao 1, siendo uno de los dos filos más abundantes los *Firmicutes*.

En el presente estudio la clase predominante dentro de los *Firmicutes* fue la *Clostridia*, teniendo un porcentaje ligeramente representativo a las edades de 14 y 21 días (16.65% y 17.30% respectivamente).

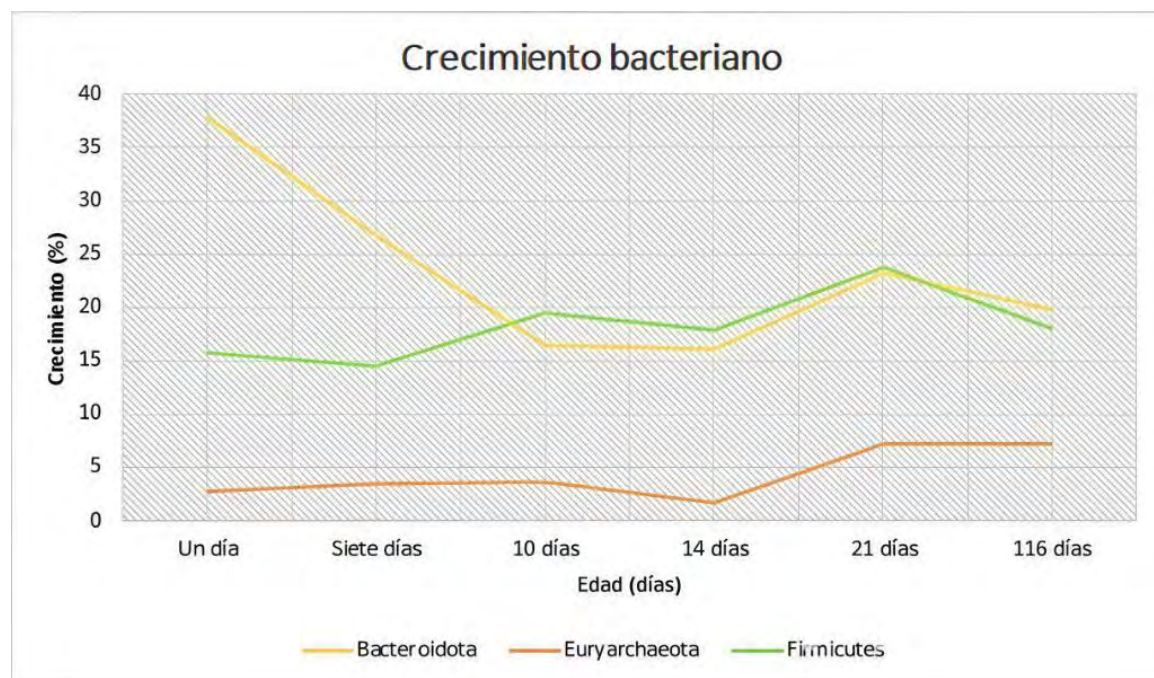


Figura 10. Crecimiento bacteriano de la Bacteroidota, Euryarchaeota y Firmicutes de cuyes machos en diferentes edades evaluadas

VIII. CONCLUSIONES

A partir de los resultados del presente estudio, se concluye lo siguiente:

- El cuy alcanza una madurez digestiva temprana, con un crecimiento acelerado del tracto digestivo en relación al peso vivo durante las primeras semanas de vida. A los 14 días, la proporción del tracto digestivo es cercana al valor máximo observado, y el saco ciego ya muestra una participación significativa en la digestión fermentativa. Estos resultados indican que a partir de esta edad el sistema digestivo está suficientemente desarrollado para permitir el destete del gazapo.
- Se evidenció una maduración temprana de las estructuras del tracto digestivo desde los 10 días, siendo más evidente a los 14 días, con un desarrollo notable de la mucosa y las vellosidades intestinales. Estos hallazgos indican que el cuy adquiere la capacidad digestiva necesaria para procesar alimento sólido a una edad temprana como son los 10 días.
- Los resultados de los filos bacteriales del saco ciego en cuyes, evidencian que hay una disminución progresiva de bacterias del filo *Bacteroidota* desde el primer día hasta los 14 días, y un aumento sostenido de *Firmicutes*, lo cual indica que el microbioma cecal es más madura, funcional y se adapta a la digestión de dieta sólida.

IX. RECOMENDACIONES

- Se recomienda realizar el destete a los 14 días de edad, dado que a esta etapa el tracto digestivo presenta una mayor madurez funcional. Sin embargo, puede considerarse un destete anticipado a partir de los 10 días dado el grado de desarrollo del intestino delgado y el saco ciego.
- Se sugiere ampliar las investigaciones en edades a partir de los 21 días hasta los 116, para evaluar el proceso de desarrollo en dicha etapa, debido a las diferencias existentes en los resultados de cuyes de 21 días respecto de los cuyes de 116 días
- Se recomienda analizar y comparar el microbioma del saco cecal entre hembras y machos a fin de evaluar posibles diferencias entre ambos sexos.
- Se sugiere realizar estudios en cuyes alimentados con dietas ricas en fibra para evaluar el impacto de este tipo de alimentación sobre la estructura histológica, composición y proporción del microbioma cecal.

X. BIBLIOGRAFÍA

Alimentos Procesados S.A. Tomasino. (2019). Catálogo de productos balanceados para cuyes, aves y vacunos. Cusco. 1p

Alvarado, J. E.; Hernández, E. (2023). La importancia de la microbiota intestinal en la fisiología y rendimiento de pollos de engorda y gallinas de postura. *CienciaUAT*, 18(2), 155–169. DOI: 10.29059/cienciauat.v18i2.1795

Arce, N. (2016). Estudio histológico de las vellosidades intestinales de cuyes (*Cavia porcellus*) criollos y mejorados según el sistema de alimentación. Tesis de Médico Veterinario Zootecnista. Universidad Privada Antenor Orrego. Trujillo. Perú. 40–41 p.

Atlas, R.M.; Synder, J.W. (2011). Reagents, Stains, and Media: Bacteriology. *Manual of Clinical Microbiology*. 1(10): 272-303. DOI: [10.1128/9781555816728.ch17](https://doi.org/10.1128/9781555816728.ch17)

Azad, Md A. K.; Gao, J.; Ma, J.; Li, T.; Tan, B.; Huang, X.; Yin, J. (2020). Opportunities of prebiotics for the intestinal health of monogastric animals. *Animal Nutrition*. 6(4), 379 -388. DOI: [10.1016/j.aninu.2020.08.001](https://doi.org/10.1016/j.aninu.2020.08.001)

Barbeito, C. G.; Diessler, M. E. (2022). Introducción a la histología veterinaria. Universidad Nacional de La Plata. La Plata. Argentina. 49–62 p.

Basu, S.; Bose, C.; Ojha, N.; Das, N.; Das, J.; Pal, M.; Khurana, S. (2015). Evolution of bacterial and fungal growth media. *Bioinformation*, 11(4): 182-184. DOI: [10.6026/97320630011182](https://doi.org/10.6026/97320630011182)

Berghes, C.; Tenase, P.; Parvu, M.; Dinu, C.; Cuca, D. (2011). Contributions to the Study of the Esophagus and Stomach Morphology in Guinea Pig. *Animal Science and Biotechnologies*. 44(2): 150–154. DOI: 10.5555/20123107705

Bergman, E.N. (1990). Energy contributions of volatile fatty acids from the gastrointestinal tract in various species. *Physiol Rev*. 70(2): 567-590. DOI: [10.1152/physrev.1990.70.2.567](https://doi.org/10.1152/physrev.1990.70.2.567)

Bondi, A. A. (1998). Nutrición animal (1ra ed.). Editorial Acribia, S.A. Zaragoza. España. 36p.

Boulaïrouf, A.; Fonty, G.; Gouet, P. (1991). Establishment, counts, and identification of the fibrolytic microflora in the digestive tract of rabbit. Influence of feed cellulose content. Current Microbiology. 22(1): 21-25. DOI:10.1007/BF02106208

Brusco, H. A.; López, J. J.; Loidl, C. F.; Belingeri, M. S.; Caltana, L.; Locaso, F.; Sánchez, V. (2014). Histología médico práctica (1ra. ed.). Elsevier. Barcelona. España. 43- 52p.

Bustamante, J. (1993). Producción de cuyes (1ra. Ed.). Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima. Perú. 5-18p.

Cardona, P.; Portillo, P.; Carlosama, L.; Vargas, J.; Avellaneda, Y.; Burgos, W.; Patiño, R. (2020). Importancia de la alimentación en el sistema productivo del cuy. AGROSAVIA. Mosquera. Colombia. 30-31p.

Carvajal, C. (2019). Especies reactivas del oxígeno: formación, función y estrés oxidativo. Medicina Legal de Costa Rica. 36(1): 91–100. URL: <https://www.scielo.sa.cr/pdf/mlcr/v36n1/2215-5287-mlcr-36-01-91.pdf>

Caycedo, A.; Zamora, A.M.; Echeverry, S.; Enríquez, R.; Ortega, E.; Burgos, M.; Caycedo, M. A. (2011). Producción sostenible de cuyes. Primera ed. San Juan de Pasto. Nariño. Colombia. 240 p.

Chauca, L. (1997). Producción de cuyes (*Cavia porcellus*). Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO). 6 p. URL: <https://es.slideshare.net/quiteriabcerra/chauca-1997>

Chauca, L. (2023). Desarrollo del mejoramiento genético en cuyes en el Perú: Formación de nuevas razas. Anales Científicos. 83(2): 109-125. DOI: 10.21704/ac.v83i2.1879

Costanzo, L.S. (2014). Fisiología (5ta ed.). Elsevier España, S.L. Barcelona. España. 329- 345 p.

Dao, T.K.; Do, T.H.; Le, N.G.; Nguyen, H.D.; Nguyen, T.Q.; Le, T.T.; Truong, N.H.; (2021). Understanding the role of *Prevotella* genus in the digestion of lignocellulose and other substrates in Vietnamese native goats' rumen by metagenomic deep sequencing. *Animals*. 11(11):3257. DOI: [10.3390/ani11113257](https://doi.org/10.3390/ani11113257)

Delaney, C. (2016). Anatomy and physiology of the rabbit and rodent gastrointestinal system. 27th Annual Association of Exotic Mammal Veterinarians and Association of Avian Veterinarians Conference & Expo. San Antonio, Texas, USA.

Rodicio, M. R.; Mendoza, M. C. (2004). Identificación bacteriana mediante secuenciación del ARNr 16S: fundamento, metodología y aplicaciones en microbiología clínica. Elsevier. 22(4): 238–245. DOI: 10.1157/13059055

Eckburg, P. B.; Bik, E. M.; Bernstein, C. N.; Purdom, E.; Dethlefsen, L.; Sargent, M.; Gill, S. R.; Nelson, K. E.; Relman, D. A. (2005). Diversity of the human intestinal microbial flora. *Science*, 308(5728), 1635–1638. DOI:10.1126/science.1110591

Frías, H. (2022). Caracterización del microbioma del ciego en cuyes (*Cavia porcellus*) de las razas Inti, Perú y Andina, Chachapoyas-2021. Tesis doctoral. Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas. Chachapoyas. Perú. 43 – 48 p.

Frías, H.; Murga, N. L.; Flores, G. J.; Cornejo, V. G.; Del Solar, J. Ch.; Romani, A.C.; Bardales, W.; Segura, G.T.; Polveiro, R. C.; Vieira, D. S.; Lopez, R. M.; Maicelo, J. L. (2023a). An analysis of the cecum microbiome of three breeds of the guinea pig: Andina, Inti, and Peru. *Research in Veterinary Science*. 161: 50–61. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2023.06.005>

Frías, H.; Murga, N. L.; Flores, G. J.; Cornejo, V. G.; Romani, A. C.; Bardales, W.; Segura, G. T.; Polveiro, R. C.; Vieira, D. S.; Ramos, E.M.; Lopez, R. M.; Maicelo, J. L. (2023b). Comparative analysis of fasting effects on the cecum microbiome in three guinea pig breeds: Andina, Inti, and Peru. *Frontiers in Microbiology*. 14. DOI: [10.3389/fmicb.2023.1283738](https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1283738)

Ganz, T.; Lehrer, R. I. (1998). Antimicrobial peptides of vertebrates. *Current Opinion in Immunology*. 10(1): 41–44. DOI: [10.1016/s0952-7915\(98\)80029-0](https://doi.org/10.1016/s0952-7915(98)80029-0)

Gartner, L. P. (2017). *Texto de Histología* (4ta ed.). Elsevier España, S.A. 402-425 p.

Goldman, E.; Green, L. H. (2008). *Practical Handbook of Microbiology*. (2da ed.). CRC.Boca Raton. EE. UU. 339 – 344 p.

Gorzelak, M.A.; Gill, S.K.; Tasnim, N.; Ahmadi, Z.; Jay, M.; Gibson, D.L. (2015). Methods for Improving Human Gut Microbiome Data by Reducing Variability through Sample Processing and Storage of Stool. *Plos one*. 10(9) : e0139529. DOI: [10.1371/journal.pone.0134802](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0134802)

Gouet, P. H.; Fonty, G. (1979). Changes in the digestive microflora of holoxenic rabbits from birth until adulthood. *Annales de Biologie Animale, Biochimie, Biophysique*, 19(3A): 553–566. DOI: 10.1051/rnd:19790501

Guarner, F. (2007). Papel de la flora intestinal en la salud y en la enfermedad. *Nutrición Hospitalaria*. 22(Supl.2), 14–19. URL: <https://scielo.isciii.es/pdf/nh/v22s2/fisiologia2.pdf>

Hernández, A. L.; Valdés, M.; Zuazo, J.L. (2001). *Microbiología y parasitología Médicas*. Editorial de Ciencias Médicas. La Habana. Cuba. 45-54 p.

Hiyagón, S. P. (2014). Estudio morfométrico del estómago del cobayo (*Cavia porcellus*) lactante. Tesis de grado. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima. Perú. pp. 34–37.

Holtenius, K; Björnhag, G. (1985). The colonic separation mechanism in the guinea-pig (*Cavia porcellus*) and the chinchilla (*Chinchilla laniger*). *Comparative Biochemistry and Physiology Part A: Physiology*. 82(3): 537–542. DOI: 10.1016/0300-9629(85)90429-3

Huamaní, C. S. (2023). Estudio morfométrico del ciego del cuy (*Cavia porcellus*) a diferentes edades. Tesis de grado. Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco. Cusco. Perú. 57-78 p.

Imam, J.; Hambolu, J. O.; Onyeausi, B. I.; Ayo, J. O.; Sulaiman, M. H. (2021). Morphological and morphometric studies of the gastro-intestinal tract of the guinea pig (*Cavia porcellus* – Linnaeus, 1758). *Journal of Veterinary Anatomy*, 14(1): 1–12. DOI: 10.21608/jva.2021.163576

Jara, M.; Valencia, R.; Chauca, L.; Torres, L. (2018). Contribución al estudio anatómico e histológico del ciego del cuy (*Cavia porcellus*) raza Perú. *Salud y Tecnología Veterinaria*, 6(2), 100–114. DOI: 10.20453/stv.v6i2.3464

Jaramillo, A. M. (2017). Determinación de características morfofisiológicas del tracto digestivo del cuy (*Cavia porcellus*). Tesis de grado. Universidad Nacional de Loja. Loja. Ecuador. 5–7 p.

Junqueira, L. C.; Carneiro, J. (2013). *Histología básica: texto y atlas* (12a ed.). McGraw-Hill Interamericana. Ciudad de México, México. 294–306 p.

Kovács, M.; Szendro, Z.; Milisits, G.; Bóta, B.; Bíró-Németh, E.; Radnai, I.; Pósa, R.; Bónai, A.; Kovács, F.; Horn, P. (2006). Effect of nursing methods and faeces consumption on the development of the bacteroides, lactobacillus and coliform flora in the caecum of the newborn rabbits. *Reproduction, Nutrition and Development*, 46(2), 205–210. DOI: 10.1051/rnd:2006010

Lagier, J.C.; Edouard, S.; Pagnier, I.; Mediannikov, O.; Drancourt, M., Raoult, D. (2015). Current and past strategies for bacterial culture in clinical microbiology. *Clin Microbiol Rev.* 28(1): 208-36. DOI: [10.1128/CMR.00110-14](https://doi.org/10.1128/CMR.00110-14)

Li, Y.; Lan, Y.; Zhang, S.; Wang, X. (2022). Comparative analysis of gut microbiota between healthy and diarrheic horses. *Frontiers in Veterinary Science*. 9: 882423. Suiza: Frontiers Media S.A. DOI: 10.3389/fvets.2022.882423

Lopardo, H. A.; Predari, S. C.; Vay, C. (2019). *Manual de microbiología clínica Microbiologia de la asociacion Argentina de Microbiologia*. Buenos Aires. Argentina. 225p.

Madigan, M. T.; Martinko, J. M.; Bender, K. S.; Buckley, D. H.; Stahl, D. A. (2015). *Brock. Biología de los microorganismos* (14va ed). Pearson Educación. Madrid. España. 34-37 p.

Matos, A. V. (2010). Efecto del destete precoz en el crecimiento de cuyes (*Cavia porcellus*). Tesis de grado. Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann. Tacna. Perú. 38–40 p.

Ministerio de desarrollo Agrario y Riego; Instituto Nacional de Innovación Agraria. (2020). URL: : <https://www.inia.gob.pe/2020-nota-105/#:~:text=Actualmente%2C%20el%20INIA%2DMINAGRI%20%E2%80%93,desarrollo%20es%20materia%20de%20investigaci%C3%B3n>

Morales, C. A. (2014). Fisiología digestiva de monogástricos. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia, 32 p.

Mönckeberg, F. B.; Corsini, G. A. (2011). Gut microbiota, metabolism and caloric balance. *Revista Chilena de Nutrición*. 38 (4): 477–481p. DOI: 10.4067/S0717-75182011000400011

Muhson, S.; Kataa, T.; Al-Taai, A. H. (2022). Histological structure and evaluation of cellular layers of Large intestine in Guinea pig (*Cavia porcellus*). *International Journal of Veterinary Sciences and Animal Husbandry*, 7(4):55-61. DOI: 10.22271/veterinary.2022.v7.i4a.441

Pascual, J.J.; Moya, J. (2001). Destete precoz y nutrición peridestete. XXVI Symposium de cunicultura de ASESCU. Portugal. Valencia. España. 69-80 p.

Pérez, A. (2014). Utilización de cepas de bacteroides spp. como probiótico en conejos. Tesis doctoral. Universidad Autónoma de Barcelona. Barcelona. España. 78-80 p.

Pickard, J. M., Zeng, M. Y., Caruso, R.; Núñez, G. (2017). Gut microbiota: Role in pathogen colonization, immune responses and inflammatory disease. *Immunological Reviews*. 279(1): 70–89. DOI: 10.1111/imr.12567

Portal, J. A. (2024). Efecto de la inclusión de pancamel en una dieta a base de Rye Grass INIA 910 Kumymarca más Trébol Blanco, sobre el rendimiento productivo de los cuyes. Tesis de Pregrado. Universidad Nacional de Cajamarca. Cajamarca. Perú. 20 - 21p.

Quispe, V. (2024). Contenido nutricional y digestibilidad in vivo de tres variedades de alfalfa (*Medicago sativa* L.) en el distrito de San Jerónimo – Cusco. Tesis de grado. Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco, Cusco, Perú.

Reid, M.E.; White, W.C. (1948). Roentgenographic study of motility of gastrointestinal tract of the guinea pig. *Am J physiol.* 152(2): 455-459 p. DOI: 10.1152/ajplegacy.1948.152.2.455.

Romero, J. A.; Ruiz, Y. M. (2004). Caracterización anatómica del tracto gastrointestinal del cuy (*Cavia porcellus*). Tesis de grado. Universidad de Nariño. Nariño. Colombia. 91 – 116 p.

Romero, C. (2010). La importancia de la cecotrofia en el conejo. *Boletín de Cunicultura Lagomorpha*. Madrid. España 53–56 p. URL: <https://dialnet.unirioja.es/descarga/articulo/2933415.pdf>

Romero, D.A. (2024). Avance en la investigación de poblaciones bacterianas intestinales del *Cavia porcellus*. Tesis de Postgrado. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá. Colombia. 42- 80 p.

Rosero, J.; Rosero, M. G.; Rosero, D.; Rosero, A; Tapie, W. A. (2024). Phenotypic variability of native guinea pig (*Cavia porcellus*) lines associated with productive and reproductive variables in the traditional production systems of the Pastos Indigenous Reserve. *World Veterinary Journal*, 14(4), 559–571. DOI: 10.54203/scil.2024.wvj64

Ross, M.; Pawlina W. (2007). *Histología, Texto y atlas correlación con Biología molecular y celular*. (7a ed.). Editorial Wolters Kluwer Health. Barcelona. España. 611- 664 p.

Ross, M. H.; Pawlina, W. (2020). *Histología: Texto y atlas: Con correlaciones de biología celular y molecular*. (8a ed.). Editorial Wolters Kluwer Health/Lippincott Williams & Wilkins. Barcelona. España. 613-664 p.

Salinas, M. (2002). *Crianza y comercialización de cuyes*. Editorial RIPALME. Lima. Perú. 8-13 p.

Sakaguchi, E. (2003). Digestive strategies of small hindgut fermenters. *Animal Science Journal*. 74(5): 327–337 p. DOI:10.1046/j.1344-3941.2003.00124

Shalvarjian , K.; Nayak, D. D. (2021). Transcriptional regulation of methanogenic metabolism in archaea. *ELSEVIER*.8-15 doi:10.1016/j.mib.2021.01.005

Smith, M. (2014). *Infectious Diseases of Domestic*. Elsevier. 335-364 p. DOI: [10.1016/B978-0-7020-8403-4.00014-4](https://doi.org/10.1016/B978-0-7020-8403-4.00014-4)

Stoker, J. (2009). Anorectal and pelvic floor anatomy. *Best Practice Research Clinical Gastroenterology*. 23 (4): 463-475. DOI: [10.1016/j.bpg.2009.04.008](https://doi.org/10.1016/j.bpg.2009.04.008)

Tang, C.; Ma, J.; Kong, F.; Li, B.; Du, Q.; Zhang, Y.; Wang, H.; Tang, Q.; Hu, S.; Liu, L.; Li, X.; Li, M. (2022). The Analysis of Transcriptomes and Microorganisms Reveals Differences between the Intestinal Segments of Guinea Pigs. *Animals*, 12(21): 2925. DOI: [10.3390/ani12212925](https://doi.org/10.3390/ani12212925)

Tomasi, H. (2013). *Métodos histológicos: aspectos teórico-prácticos*. Facultad de Ciencias Médicas. Córdoba. Colombia.1-96p

Velasco, M.; Piles, M.; Viñas, M.; Rafel, O.; González, O.; Guivernau, M.; Sánchez, J. P. (2018). Rabbit microbiota changes throughout the intestinal tract. *Frontiers in Microbiology*, 9, 2144. DOI: 10.3389/fmicb.2018.02144

Verdín, S. L.; Moreno, L.; Rojo, N.; Garcia, A. L.; Omaña, M.; Meneses, A.; Nieto. O. (2013). *Histología e Inmunohistoquímica*. Universidad Nacional Autónoma de México. México. 3-31p.

Vicuña, L.L. (2015). *Caracterización histológica del tracto digestivo del cuy (Cavia Porcellus)*. Tesis de Pregrado. Universidad de Nariño. Nariño. Colombia. 30-38 p.

Vivas, J. A. (2013). *Especies alternativas: manual de crianza de cobayos (Cavia porcellus)* (1a ed.). Universidad Nacional Agraria CENIDA.Managua. Nicaragua.14-15 p.

Vyas, U.; Ranganathan, N. (2012). Probiotics, prebiotics, and synbiotics: Gut and beyond. *Gastroenterology Research and Practice*. 2012 (1): 872716. DOI: [10.1155/2012/872716](https://doi.org/10.1155/2012/872716)

Wagner, J. E.; Patrick, M. J. (1976). The biology of the guinea pig. (1a ed.) Academic Press. New York. 1-4 p.

Wasas, A.D.; Huebner, R.E.; Klugman, K.P. (1999). Use of Dorset egg medium for maintenance and transport of *Neisseria meningitidis* and *Haemophilus influenzae* type b. *Journal of Clinical Microbiology*. 37(6): 2045-2046. DOI: [10.1128/jcm.37.6.2045-2046.1999](https://doi.org/10.1128/jcm.37.6.2045-2046.1999)

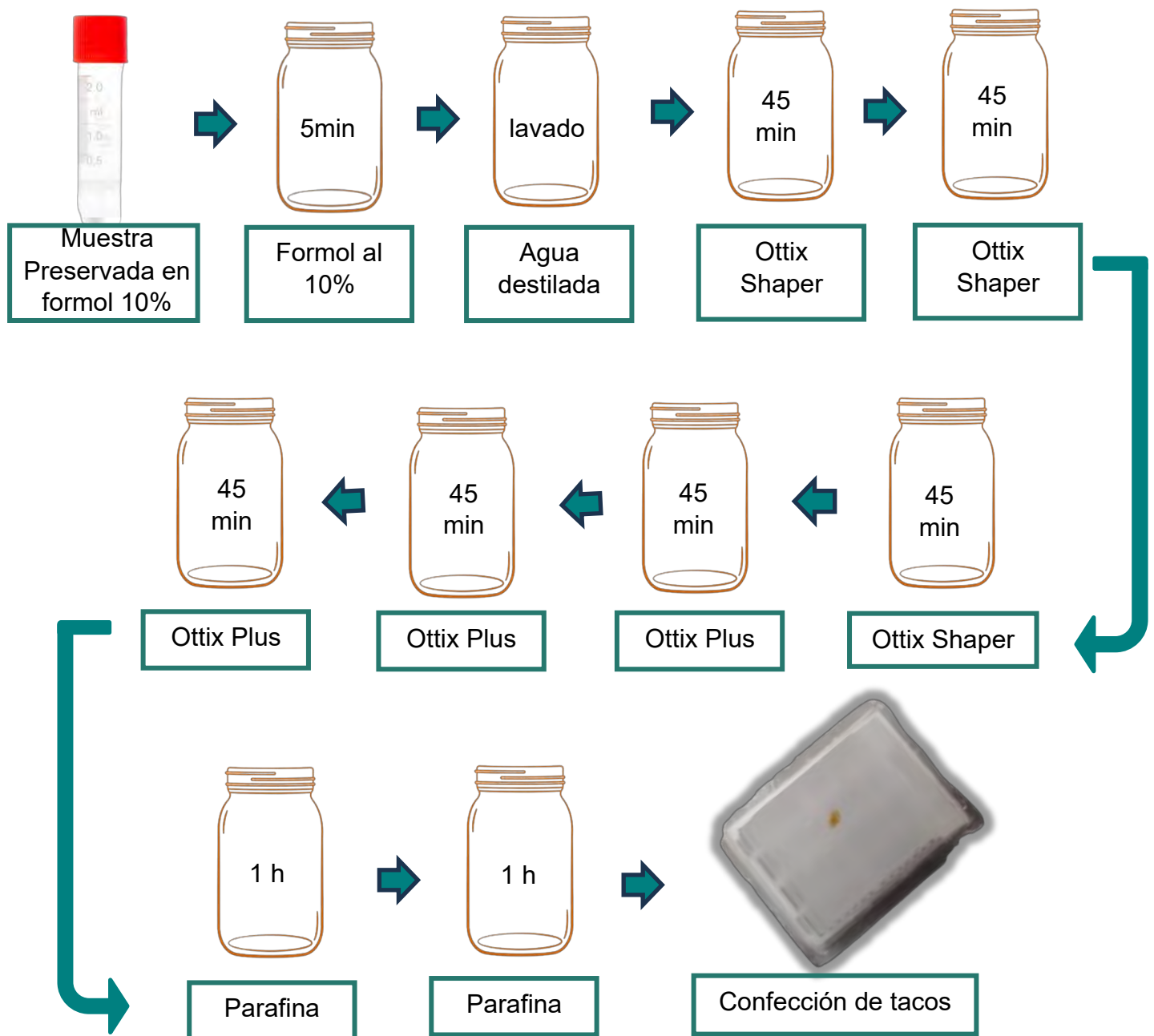
Welch, C. B.; Ryman, V. E.; Pringle, T. D.; Lourenço, J. M. (2022). Utilizing the Gastrointestinal Microbiota to Modulate Cattle Health through the Microbiome-Gut-Organ Axes. *Microorganisms*. 10(7): 1391. DOI: 10.3390/microorganisms10071391

Woo, P.C.Y.; Lau, S.K.P.; Teng J.L.L.; Tse, H.; Yuen, K.Y. (2008). Then and now: use of 16S rDNA gene sequencing for bacterial identification and discovery of novel bacteria in clinical microbiology laboratories. *Clinical Microbiology and Infection*. 14(10): 908–934.

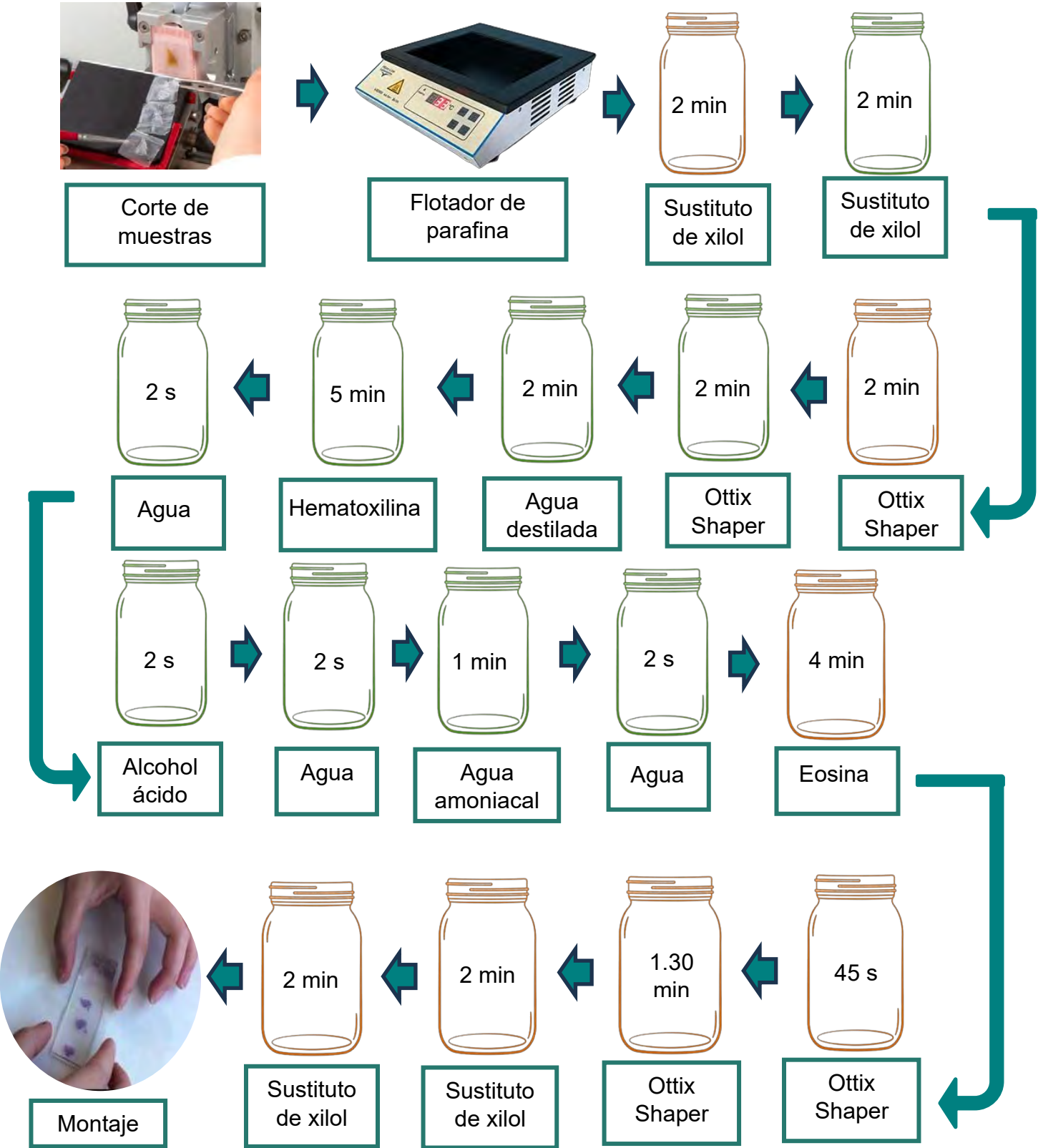
Zoetendal EG.; Collier CT.; Koike S.; Mackie RI.; Gaskins HR. (2004). Molecular Ecological Analysis of the Gastrointestinal Microbiota. *Department of Animal Sciences and Veterinary Pathobiology*. 134(2): 465-72. DOI: [10.1002/etc.4249](https://doi.org/10.1002/etc.4249)

XI. ANEXOS

Anexo 1. Procedimiento para la elaboración de tacos



Anexo 2. Procedimiento para coloración de tejidos histológicos



Anexo 3. Tiempos establecidos para coloración de tejidos

Item	Reactivos	Tiempo	Observación
1	Sustituto de xilol®1	2 minutos	Sustituto de la escala alcohólica y xilol
2	Sustituto de xilol® 2	2 minutos	Sustituto de la escala alcohólica y xilol
3	Ottix shaper® 1	2 minutos	Amortiguador de interface
4	Ottix shaper® 2	2 minutos	Amortiguador de interface
5	Agua	2 minutos	Lavado de sustitutos
6	Hematoxilina	5 minutos	Colorante de núcleos
7	Agua	2 segundos	Lavado de exceso de colorante
8	Alcohol ácido	2 segundos	Elimina el exceso de hematoxilina
9	Agua	2 segundos	Lavado
10	Agua amoniacal	1 minuto	Genera viraje de morado azul
11	Agua	2 segundos	Lavado
12	Eosina	4 minutos	Colorante de citoplasma
13	Ottix shaper® 3	45 segundos	Amortiguador de interface
14	Ottix shaper® 4	1.5 minutos	Amortiguador de interface
15	Sustituto de xilol® 3	2 minutos	Sustituto de la escala alcohólica y xilol
16	Sustituto de xilol® 4	2 minutos	Sustituto de la escala alcohólica y xilol
17	Montaje con bálsamo de Canadá		Observación en microscopio

Anexo 4. Panel fotográfico de la anatomía del cuy

	
Eviscerado del cuy	Disección del cuy
	
Extracción de órganos del tracto digestivo de cuy	Pesaje de órganos del tracto digestivo del cuy

Anexo 5. Panel fotográfico del procesamiento histológico



Reactivos de fijación, deshidratación y aclaramiento de tejidos



Procesamiento para la elaboración de tacos



Confección de taco



Procesamiento de coloración de tejidos

Anexo 6. Líneas de comando para el análisis de varianza de “peso del tracto digestivo”

SCRIP

```
setwd("D:/TESIS MARCE Y
FIO/ZOOMETRIA")
DATOS<-read.csv('DATOS_ZOOM.csv', sep = ";", header = T)
str(DATOS)
DATOS$SEX0 <- as.factor(DATOS$SEX0)
DATOS$DIA <- as.factor(DATOS$DIA)
#
# POR EDAD
DIA1<- subset(DATOS, DIA == "1")
DIA7<- subset(DATOS, DIA == "7")
DIA10<- subset(DATOS, DIA == "10")
DIA14<- subset(DATOS, DIA == "14")
DIA21<- subset(DATOS, DIA == "21")
DIA116<- subset(DATOS, DIA == "116")
#
#VARIABLE RESPUESTA VR1 =
VR <- DATOS$P_CJ_TD
#
# VARIABLE RRESPUESTA POR GRUPOS
VR1 <- DIA1$P_CJ_TD
VR7 <- DIA7$P_CJ_TD
VR10 <- DIA10$P_CJ_TD
VR14 <- DIA14$P_CJ_TD
VR21 <- DIA21$P_CJ_TD
VR116 <- DIA116$P_CJ_TD
#
library(car)
library(emmeans)
library(psych)
)
#
#PRUEBA DE NORMALIDAD
boxplot(VR~DATOS$SEX0)
boxplot(VR~DATOS$DIA)
#
#PRUEBA DE NORMALIDAD, HOMOGENEIDAD DE VARIANZA "FLIGNER-KIILLEN Y
LEVENNE" library(nortest) shapiro.test(VR1) shapiro.test(VR7)
shapiro.test(VR10) shapiro.test(VR14) shapiro.test(VR21)
shapiro.test(VR116)
# fligner.test(x =
list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))
leveneTest(VR ~ DATOS$DIA ,center = "median")
#
bartlett.test(VR ~ DATOS$DIA)
bartlett.test(list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))
#
# MODELO USADO
MODELO1 <- aov(VR ~ DATOS$PV_B + DATOS$SEX0 + DATOS$DIA)
summary.lm(MODELO1)
#
#ANALISIS DE VARIANZA
anova(MODELO1)
# COMAPRACIO NDE MEDIAS GENERAL
##
#PRUEBA DE TUKEY usando libreria agricola
library(agricolae)
```

```

outhSD1 <-HSD.test(MODEL01, "DATOS$SEX0",console=TRUE)
outhSD2 <-HSD.test(MODEL01, "DATOS$DIA",console=TRUE)
#
#EVALUACION GRAFICA DE NORMALIDAD DE RESIDUOS DEL MODELO
#
qqnorm(MODEL01$residuals)
qqline(MODEL01$residuals) par(mfrow = c(1,2))
plot(MODEL01, which = 1:4)
#
#normalidad de residuos
library(nortest)
prueba_KS<-lillie.test(MODEL01$residuals)
prueba_KS

```

RESULTADOS

```

setwd("D:/TESIS
MARCE Y
FIO/ZOOMETRIA")
> DATOS<-read.csv('DATOS_ZOOM.csv', sep = ";", header = T)
> str(DATOS)
'data.frame': 48 obs. of 36 variables:
 $ DIA      : int  1 1 1 1 1 1 1 1 7 7 ...
 $ ARETE    : chr  "M:3N15" "M:4E1" "M:3L39" "M:3T100" ...
 $ ANIMAL    : int  1 2 3 5 6 7 8 9 10 11 ...
 $ SEX0     : chr  "M" "M" "M" "M" ...
 $ PV_AB     : num  182 125 NA 137 NA ...
 $ PV_B     : num  170 121 162 134 151 ...
 $ PV_C     : num  NA NA NA NA NA NA NA NA ...
 $ L_CAB     : num  4.7 5.2 5 5.2 5.2 5.7 3.8 4.7 5.3 5.9 ...
 $ An_CAB    : num  2.5 2.4 2.8 3.1 3 2.9 2.4 2.7 2.9
3.2 ... $ Al_GRP : num  4.5 4 4.9 4.8 4.6 4.7 4 3.9
4.3 4.7 ...
 $ An_TR     : num  2.1 2.5 3.3 2.8 3 3.4 2.6 2.1 3.4 3.8 ...
 $ Pr_TR     : num  12 11 13.5 12.5 14.2 15.6 12 13.4 14.4 15.5 ...
 $ L_CRP     : num  18 15.5 18 17.5 17.3 18.2 13.2 14.4 19.5 18.9 ...
 $ P_CJ_TD   : num  16.34 9.32 13.37 10.33 8.83 ...
 $ pP_CJ_TD  : num  9.61 7.71 8.23 7.68 5.85 ...
 $ P_EFG     : num  0.16 0.15 0.16 0.24 0.12 0.2 0.08 0.12 0.15 0.16
...
 $ p1P_EFG   : num  0.094 0.124 0.099 0.178 0.08 0.105 0.134 0.109 0.09
0.082 ...
 $ p2P_EFG   : num  0.98 1.61 1.2 2.32 1.36 1.36 2.31 1.7 0.58 0.47 ...
 $ P_CC_EST  : num  4.21 2.31 2.39 2.08 1.52 2.92 0.62 1.87 5.76 7.52
...
 $ p1P_CC_EST: num  2.48 1.91 1.47 1.55 1.01 1.53 1.04 1.7 3.46 3.87
...
 $ p2P_CC_EST: num  25.8 24.8 17.9 20.1 17.2 ...
 $ P_SC_EST  : num  0.89 0.65 1.19 0.23 0.77 1.59 0.57 1 1.65 1.35 ...
 $ p1P_SC_EST: num  0.52 0.54 0.73 0.17 0.51 0.83 0.95 0.91 0.99 0.69
...
 $ p2P_SC_EST: num  5.45 6.97 8.9 2.23 8.72 ...
 $ P_DU0     : num  0.41 0.38 0.5 0.45 0.32 0.53 0.28 0.28 0.91 0.57
...
 $ P_YE      : num  4.08 3.97 4.51 3.46 3.95 5.65 1.59 3.56 7.06 8.76
...
 $ P_IL      : num  0.1 0.12 0.12 0.08 0.07 0.12 0.06 0.08 0.11 0.17
...
 $ VOL_CG    : num  305 310 305 310 302 ...
 $ p1P_VOL_CG: logi  NA NA NA NA NA NA ...
 $ P_CC_CG   : num  2.83 1.82 4.7 3.1 2.07 ...

```

```

$ p1P_CC_CG : num 1.66 1.51 2.89 2.3 1.37 2.32 1.26 0.63 6.73 8.12
...
$ p2P_CC_CG : num 17.3 19.5 35.1 30 23.4 ... $ P_SC_CG
: num 2 1 1.42 1.2 1.06 1.74 0.46 0.54 4.06 4.04 ...
$ p1P_SC_CG : num 1.18 0.83 0.87 0.89 0.7 0.91 0.77 0.49 2.44 2.08
...
$ p2P_SC_CG : num 12.2 10.7 10.6 11.6 12 ...
$ LOB_CG : int 29 34 27 34 35 33 35 41 24 28 ...
> DATOS$SEX0 <- as.factor(DATOS$SEX0)
> DATOS$DIA <- as.factor(DATOS$DIA)
> str(DATOS)
'data.frame': 48 obs. of 36 variables:
 $ DIA : Factor w/ 6 levels "1","7","10","14",...: 1 1 1 1 1 1 1 1 1
2 2 ...
$ ARETE : chr "M:3N15" "M:4E1" "M:3L39" "M:3T100" ...
$ ANIMAL : int 1 2 3 5 6 7 8 9 10 11 ...
$ SEX0 : Factor w/ 2 levels "H","M": 2 2 2 2 1 1 1 1 2 2 ...
$ PV_AB : num 182 125 NA 137 NA ...
$ PV_B : num 170 121 162 134 151 ...
$ PV_C : num NA NA NA NA NA NA NA NA NA NA ...
$ L_CAB : num 4.7 5.2 5 5.2 5.2 5.7 3.8 4.7 5.3 5.9 ...
$ An_CAB : num 2.5 2.4 2.8 3.1 3 2.9 2.4 2.7 2.9
3.2 ... $ Al_GRP : num 4.5 4 4.9 4.8 4.6 4.7 4 3.9
4.3 4.7 ...
$ An_TR : num 2.1 2.5 3.3 2.8 3 3.4 2.6 2.1 3.4 3.8 ...
$ Pr_TR : num 12 11 13.5 12.5 14.2 15.6 12 13.4 14.4 15.5 ...
$ L_CRP : num 18 15.5 18 17.5 17.3 18.2 13.2 14.4 19.5 18.9 ...
$ P_CJ_TD : num 16.34 9.32 13.37 10.33 8.83 ...
$ pP_CJ_TD : num 9.61 7.71 8.23 7.68 5.85 ...
$ P_EFG : num 0.16 0.15 0.16 0.24 0.12 0.2 0.08 0.12 0.15 0.16
...
$ p1P_EFG : num 0.094 0.124 0.099 0.178 0.08 0.105 0.134 0.109 0.09
0.082 ...
$ p2P_EFG : num 0.98 1.61 1.2 2.32 1.36 1.36 2.31 1.7 0.58 0.47 ...
$ P_CC_EST : num 4.21 2.31 2.39 2.08 1.52 2.92 0.62 1.87 5.76 7.52
...
$ p1P_CC_EST: num 2.48 1.91 1.47 1.55 1.01 1.53 1.04 1.7 3.46 3.87
...
$ p2P_CC_EST: num 25.8 24.8 17.9 20.1 17.2 ...
$ P_SC_EST : num 0.89 0.65 1.19 0.23 0.77 1.59 0.57 1 1.65 1.35 ...
$ p1P_SC_EST: num 0.52 0.54 0.73 0.17 0.51 0.83 0.95 0.91 0.99 0.69
...
$ p2P_SC_EST: num 5.45 6.97 8.9 2.23 8.72 ...
$ P_DU0 : num 0.41 0.38 0.5 0.45 0.32 0.53 0.28 0.28 0.91 0.57
...
$ P_YE : num 4.08 3.97 4.51 3.46 3.95 5.65 1.59 3.56 7.06 8.76
...
$ P_IL : num 0.1 0.12 0.12 0.08 0.07 0.12 0.06 0.08 0.11 0.17
...
$ VOL_CG : num 305 310 305 310 302 ...
$ p1P_VOL_CG: logi NA NA NA NA NA NA ...
$ P_CC_CG : num 2.83 1.82 4.7 3.1 2.07 ...
$ p1P_CC_CG : num 1.66 1.51 2.89 2.3 1.37 2.32 1.26 0.63 6.73 8.12
...
$ p2P_CC_CG : num 17.3 19.5 35.1 30 23.4 ... $ P_SC_CG
: num 2 1 1.42 1.2 1.06 1.74 0.46 0.54 4.06 4.04 ... $
p1P_SC_CG : num 1.18 0.83 0.87 0.89 0.7 0.91 0.77 0.49
2.44 2.08 ...
$ p2P_SC_CG : num 12.2 10.7 10.6 11.6 12 ...
$ LOB_CG : int 29 34 27 34 35 33 35 41 24 28 ...
> DATOS$SEX0 <- as.factor(DATOS$SEX0)
> DATOS$DIA <- as.factor(DATOS$DIA)
> #
> # POR EDAD
> DIA1<- subset(DATOS, DIA == "1")

```



```

> DIA7<- subset(DATOS, DIA == "7")
> DIA10<- subset(DATOS, DIA == "10")
> DIA14<- subset(DATOS, DIA == "14")
> DIA21<- subset(DATOS, DIA == "21")
> DIA116<- subset(DATOS, DIA == "116")
> #
> #VARIABLE RESPUESTA VR1 =
> VR <- DATOS$P_CJ_TD
> #
> # VARIABLE RRESPESTA POR GRUPOS
> VR1 <- DIA1$P_CJ_TD
> VR7 <- DIA7$P_CJ_TD
> VR10 <- DIA10$P_CJ_TD
> VR14 <- DIA14$P_CJ_TD
> VR21 <- DIA21$P_CJ_TD
> VR116 <- DIA116$P_CJ_TD
> #
> library(car)
> library(emmeans)
> library(psych)
> #
> #PRUEBA DE NORMALIDAD
> boxplot(VR~DATOS$SEX0)
> boxplot(VR~DATOS$DIA)
> #
> #PRUEBA DE NORMALIDAD, HOMOGENEIDAD DE VARIANZA "FLIGNER-KIILLEN Y
LEVENNE"
> library(nortest)
> shapiro.test(VR1)

```

```

      Shapiro-Wilk normality test
data:
VR1
W = 0.97408, p-value = 0.928

```

```

> shapiro.test(VR7)

```

```

      Shapiro-Wilk normality test
data:
VR7
W = 0.91183, p-value = 0.3671

```

```

> shapiro.test(VR10)

```

```

      Shapiro-Wilk normality test
data:
VR10
W = 0.93155, p-value = 0.5303

```

```

> shapiro.test(VR14)

```

```

      Shapiro-Wilk normality test
data:
VR14
W = 0.90809, p-value = 0.3408

```

```

> shapiro.test(VR21)

```

```

      Shapiro-Wilk normality test
data:
VR21
W = 0.94521, p-value = 0.6629

```

```

> shapiro.test(VR116)

```

```

    Shapiro-Wilk normality test
data:
VR116
W = 0.95791, p-value = 0.79

> #
> fligner.test(x = list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))

    Fligner-Killeen test of homogeneity of variances

data: list(VR1, VR7, VR10, VR14, VR21, VR116)
Fligner-Killeen:med chi-squared = 21.375, df = 5, p-value = 0.0006879

> leveneTest(VR ~ DATOS$DIA ,center = "median")
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = "median")
      Df F value    Pr(>F)
group 5  7.8726 2.659e-05
***      42
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> #
> bartlett.test(VR ~ DATOS$DIA)

    Bartlett test of homogeneity of variances

data: VR by DATOS$DIA
Bartlett's K-squared = 38.261, df = 5, p-value = 3.343e-07

> bartlett.test(list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))

    Bartlett test of homogeneity of variances

data: list(VR1, VR7, VR10, VR14, VR21, VR116)
Bartlett's K-squared = 38.261, df = 5, p-value =
3.343e-07

> #
> # MODELO USADO
> MODELO1 <- aov(VR ~ DATOS$PV_B + DATOS$SEXO + DATOS$DIA)
> summary.lm(MODELO1) Call: aov(formula = VR ~
DATOS$PV_B + DATOS$SEXO + DATOS$DIA)
Residuals:
      Min       1Q   Median       3Q      Max
-17.9090  -4.7527  -0.1176   3.8352  22.1591

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept) -12.56780    4.15505  -3.025 0.004334 **
DATOS$PV_B    0.17464    0.01967   8.878 5.31e-11 ***
DATOS$SEXOM   -2.01743    2.59567  -0.777 0.441596
DATOS$DIA7    13.79008    4.47552   3.081 0.003722 **
DATOS$DIA10   13.91646    4.87482   2.855 0.006794 **
DATOS$DIA14   19.97445    5.37804   3.714 0.000622 ***
DATOS$DIA21   33.22923    6.31603   5.261 5.14e-06 ***
DATOS$DIA116  40.08639   13.72403   2.921 0.005712 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 8.805 on 40 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.9763, Adjusted R-squared:  0.9721
F-statistic: 235.3 on 7 and 40 DF, p-value: < 2.2e-16

> #

```

```

> #ANALISIS DE VARIANZA
> anova(MODEL01)
Analysis of Variance Table

Response: VR
      Df Sum Sq Mean Sq  F value    Pr(>F)
DATOS$PV_B  1 125029  125029 1612.7501 < 2.2e-16 ***
DATOS$SEX0  1   131    131    1.6933 0.2006116
DATOS$DIA   5   2537    507    6.5449 0.0001556 ***
Residuals  40   3101     78
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> # COMAPRACIO NDE MEDIAS GENERAL
> ##
> #PRUEBA DE TUKEY usando libreria agricola
> library(agricolae)
> outhSD1 <-HSD.test(MODEL01, "DATOS$SEX0",console=TRUE)

```

Study: MODEL01 ~ "DATOS\$SEX0"

HSD Test for VR

Mean Square Error: 77.52562

DATOS\$SEX0, means

	VR	std	r	se	Min	Max	Q25	Q50	Q75
H	64.06700	50.20093	24	1.797285	3.459	179.626	25.4895	54.9275	92.61350
M	66.72267	56.24135	24	1.797285	9.323	204.312	31.6850	53.4880	72.27725

Alpha: 0.05 ; DF Error: 40

Critical Value of Studentized Range: 2.858232

Minimun Significant Difference: 5.137058

Treatments with the same letter are not significantly different.

```

      VR groups
M 66.72267      a
H 64.06700      a
> outhSD2 <-HSD.test(MODEL01, "DATOS$DIA",console=TRUE)

```

Study: MODEL01 ~ "DATOS\$DIA"

HSD Test for VR

Mean Square Error: 77.52562

DATOS\$DIA, means

	VR	std	r	se	Min	Max	Q25	Q50
Q75								
1	10.43225	4.246456	8	3.112989	3.459	16.342	8.38125	9.8265
13	7.1975							
10	42.93487	16.507731	8	3.112989	20.191	64.880	31.39875	45.5400
52	7.5725							
116	165.92575	29.200575	8	3.112989	123.458	204.312	145.55275	167.4025
184	9.1700							
14	57.83187	4.841215	8	3.112989	50.545	63.547	55.15425	58.5180
61	7.3950							
21	83.87037	11.550674	8	3.112989	69.402	100.523	75.58775	82.8555
92	6.1350	7	31.37387	5.293059	8	3.112989	25.775	40.823
30	6.850	34.30325						26.78300

Alpha: 0.05 ; DF Error: 40
Critical Value of Studentized Range: 4.231644

Minimum Significant Difference: 13.17306

Treatments with the same letter are not significantly different.

```

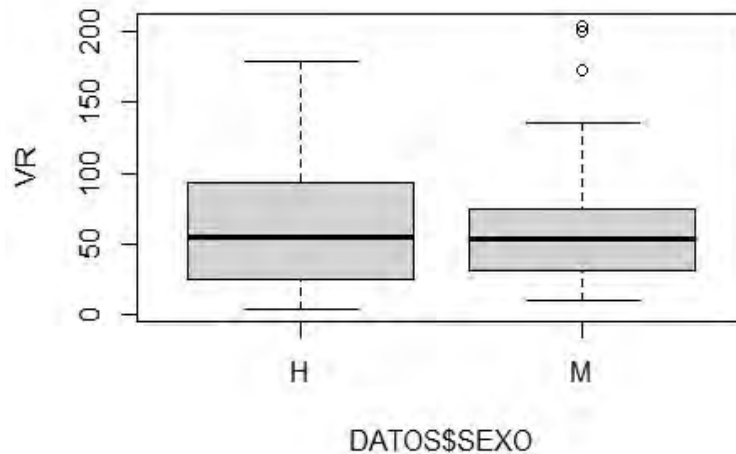
      VR groups
116 165.92575    a
 21  83.87037    b
 14  57.83187    c
 10  42.93487    d
  7  31.37387    d
  1  10.43225    e
> #
> #EVALUACION GRAFICA DE NORMALIDAD DE RESIDUOS DEL MODELO
> #
> qqnorm(MODELO1$residuals)
> qqline(MODELO1$residuals)
> par(mfrow = c(1,2))
> plot(MODELO1, which = 1:4)
<Enter> para ver el próximo gráfico: #
<Enter> para ver el próximo gráfico: #normalidad de residuos
> library(nortest)
> prueba_KS<-lillie.test(MODELO1$residuals)
> prueba_KS

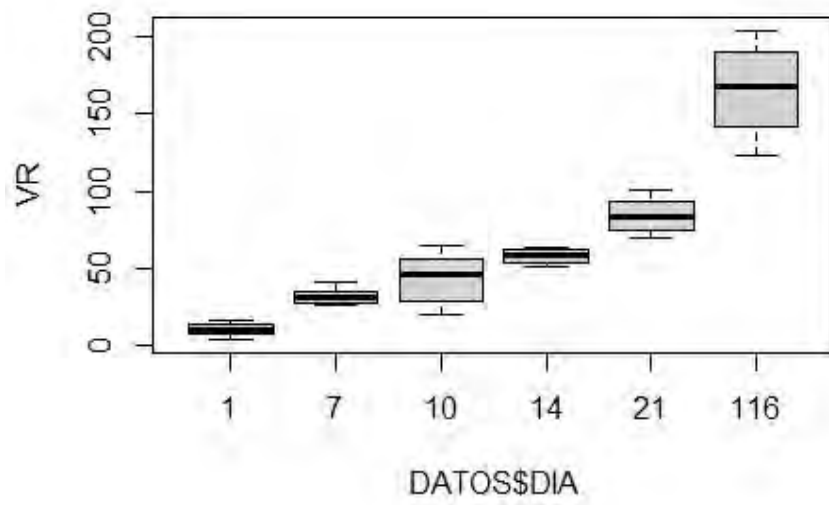
```

```

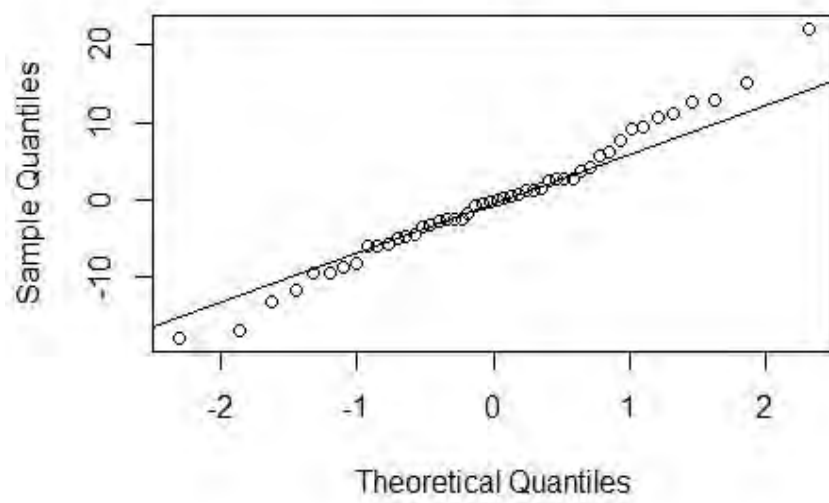
      Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test
data:  MODELO1$residuals
D = 0.094594, p-value =
0.3492

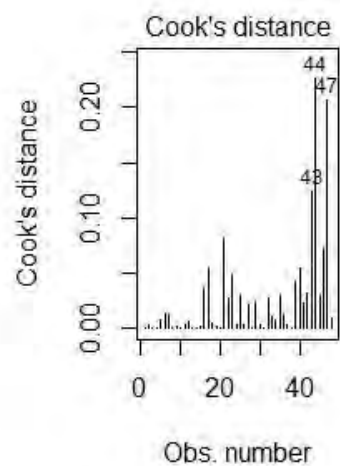
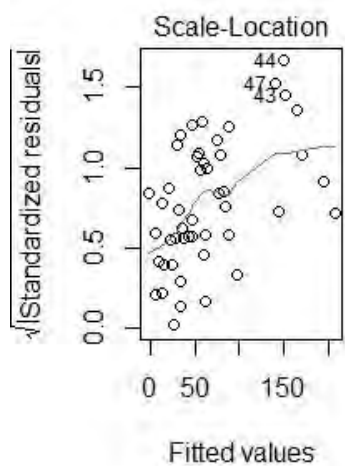
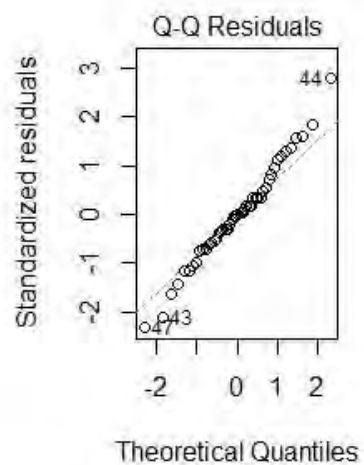
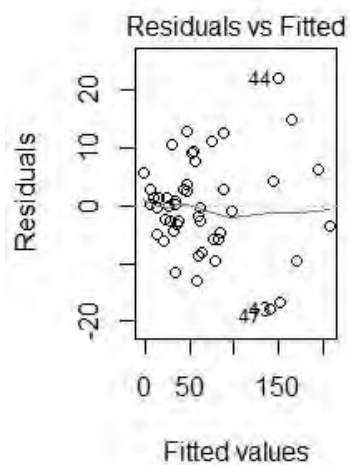
```





Normal Q-Q Plot





Anexo 7. Líneas de comando para el análisis de varianza de “proporción del intestino delgado en relación al peso vivo”

SCRIPT

```
setwd("D:/TESIS MARCE Y FIO/ZOOMETRIA")
DATOS<-read.csv('DATOS_ZOOM.csv', sep = ";", header = T)
str(DATOS)
DATOS$SEXO <- as.factor(DATOS$SEXO)
DATOS$DIA <- as.factor(DATOS$DIA)
#
# POR EDAD
DIA1<- subset(DATOS, DIA == "1")
DIA7<- subset(DATOS, DIA == "7")
DIA10<- subset(DATOS, DIA == "10")
DIA14<- subset(DATOS, DIA == "14")
DIA21<- subset(DATOS, DIA == "21")
DIA116<- subset(DATOS, DIA == "116")
#
#VARIABLE RESPUESTA VR1 =
VR <- DATOS$pP_CJ_TD
#
# VARIABLE RRESPUESTA POR GRUPOS
VR1 <- DIA1$pP_CJ_TD
VR7 <- DIA7$pP_CJ_TD
VR10 <- DIA10$pP_CJ_TD
VR14 <- DIA14$pP_CJ_TD
VR21 <- DIA21$pP_CJ_TD
VR116 <- DIA116$pP_CJ_TD
#
library(car)
library(emmeans)
library(psych)
#
#PRUEBA DE NORMALIDAD
boxplot(VR~DATOS$SEXO)
boxplot(VR~DATOS$DIA)
#
#PRUEBA DE NORMALIDAD, HOMOGENEIDAD DE VARIANZA "FLIGNER-KIILLEN Y LEVENNE"
library(nortest)
shapiro.test(VR1)
shapiro.test(VR7)
shapiro.test(VR10)
shapiro.test(VR14)
shapiro.test(VR21)
shapiro.test(VR116)
#
fligner.test(x = list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))
leveneTest(VR ~ DATOS$DIA ,center = "median")
#
bartlett.test(VR ~ DATOS$DIA)
bartlett.test(list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))
#
# MODELO USADO
MODELO1 <- aov(VR ~ DATOS$PV_B + DATOS$SEXO + DATOS$DIA)
summary.lm(MODELO1)
#
#ANALISIS DE VARIANZA
anova(MODELO1)
# COMAPRACIO NDE MEDIAS GENERAL
##
#PRUEBA DE TUKEY usando libreria agricola
library(agricolae)
outhSD1 <-HSD.test(MODELO1, "DATOS$SEXO",console=TRUE)
outhSD2 <-HSD.test(MODELO1, "DATOS$DIA",console=TRUE)
#
#EVALUACION GRAFICA DE NORMALIDAD DE RESIDUOS DEL MODELO
#
```

```
qqnorm(MODEL01$residuals)
qqline(MODEL01$residuals)
par(mfrow = c(1,2))
plot(MODEL01, which = 1:4)
#
#normalidad de residuos
library(nortest)
prueba_KS<-lillie.test(MODEL01$residuals)
prueba_KS
```

RESULTADOS

```
> setwd("D:/TESIS MARCE Y FIO/ZOOMETRIA")
> DATOS<-read.csv('DATOS_ZOOM.csv', sep = ";", header = T)
> str(DATOS)
'data.frame': 48 obs. of 36 variables:
 $ DIA      : int  1 1 1 1 1 1 1 7 7 ...
 $ ARETE    : chr  "M:3N15" "M:4E1" "M:3L39" "M:3T100" ...
 $ ANIMAL    : int  1 2 3 5 6 7 8 9 10 11 ...
 $ SEXO     : chr  "M" "M" "M" "M" ...
 $ PV_AB    : num  182 125 NA 137 NA ...
 $ PV_B     : num  170 121 162 134 151 ...
 $ PV_C     : num  NA NA NA NA NA NA NA NA NA ...
 $ L_CAB    : num  4.7 5.2 5 5.2 5.2 5.7 3.8 4.7 5.3 5.9 ...
 $ An_CAB   : num  2.5 2.4 2.8 3.1 3 2.9 2.4 2.7 2.9 3.2 ...
 $ Al_GRP   : num  4.5 4 4.9 4.8 4.6 4.7 4 3.9 4.3 4.7 ...
 $ An_TR    : num  2.1 2.5 3.3 2.8 3 3.4 2.6 2.1 3.4 3.8 ...
 $ Pr_TR    : num  12 11 13.5 12.5 14.2 15.6 12 13.4 14.4 15.5 ...
 $ L_CRP    : num  18 15.5 18 17.5 17.3 18.2 13.2 14.4 19.5 18.9 ...
 $ P_CJ_TD  : num  16.34 9.32 13.37 10.33 8.83 ...
 $ pP_CJ_TD : num  9.61 7.71 8.23 7.68 5.85 ...
 $ P_EFG    : num  0.16 0.15 0.16 0.24 0.12 0.2 0.08 0.12 0.15 0.16 ...
 $ p1P_EFG  : num  0.094 0.124 0.099 0.178 0.08 0.105 0.134 0.109 0.09 0.082 ...
 $ p2P_EFG  : num  0.98 1.61 1.2 2.32 1.36 1.36 2.31 1.7 0.58 0.47 ...
 $ P_CC_EST : num  4.21 2.31 2.39 2.08 1.52 2.92 0.62 1.87 5.76 7.52 ...
 $ p1P_CC_EST: num  2.48 1.91 1.47 1.55 1.01 1.53 1.04 1.7 3.46 3.87 ...
 $ p2P_CC_EST: num  25.8 24.8 17.9 20.1 17.2 ...
 $ P_SC_EST : num  0.89 0.65 1.19 0.23 0.77 1.59 0.57 1 1.65 1.35 ...
 $ p1P_SC_EST: num  0.52 0.54 0.73 0.17 0.51 0.83 0.95 0.91 0.99 0.69 ...
 $ p2P_SC_EST: num  5.45 6.97 8.9 2.23 8.72 ...
 $ P_DUO    : num  0.41 0.38 0.5 0.45 0.32 0.53 0.28 0.28 0.91 0.57 ...
 $ P_YE     : num  4.08 3.97 4.51 3.46 3.95 5.65 1.59 3.56 7.06 8.76 ...
 $ P_IL     : num  0.1 0.12 0.12 0.08 0.07 0.12 0.06 0.08 0.11 0.17 ...
 $ VOL.CG   : num  305 310 305 310 302 ...
 $ p1P_VOL.CG: logi  NA NA NA NA NA NA ...
 $ P_SC.CG  : num  2.83 1.82 4.7 3.1 2.07 ...
 $ p1P_SC.CG: num  1.66 1.51 2.89 2.3 1.37 2.32 1.26 0.63 6.73 8.12 ...
 $ p2P_SC.CG: num  17.3 19.5 35.1 30 23.4 ...
 $ P_SC.CG  : num  2 1 1.42 1.2 1.06 1.74 0.46 0.54 4.06 4.04 ...
 $ p1P_SC.CG: num  1.18 0.83 0.87 0.89 0.7 0.91 0.77 0.49 2.44 2.08 ...
 $ p2P_SC.CG: num  12.2 10.7 10.6 11.6 12 ...
 $ LOB.CG   : int  29 34 27 34 35 33 35 41 24 28 ...
> DATOS$SEXO <- as.factor(DATOS$SEXO)
> DATOS$DIA <- as.factor(DATOS$DIA)
> #
> str(DATOS)
'data.frame': 48 obs. of 36 variables:
 $ DIA      : Factor w/ 6 levels "1","7","10","14",...: 1 1 1 1 1 1 1 1 2 2 ...
 $ ARETE    : chr  "M:3N15" "M:4E1" "M:3L39" "M:3T100" ...
 $ ANIMAL    : int  1 2 3 5 6 7 8 9 10 11 ...
 $ SEXO     : Factor w/ 2 levels "H","M": 2 2 2 2 1 1 1 1 2 2 ...
 $ PV_AB    : num  182 125 NA 137 NA ...
 $ PV_B     : num  170 121 162 134 151 ...
 $ PV_C     : num  NA NA NA NA NA NA NA NA NA ...
 $ L_CAB    : num  4.7 5.2 5 5.2 5.2 5.7 3.8 4.7 5.3 5.9 ...
 $ An_CAB   : num  2.5 2.4 2.8 3.1 3 2.9 2.4 2.7 2.9 3.2 ...
 $ Al_GRP   : num  4.5 4 4.9 4.8 4.6 4.7 4 3.9 4.3 4.7 ...
 $ An_TR    : num  2.1 2.5 3.3 2.8 3 3.4 2.6 2.1 3.4 3.8 ...
 $ Pr_TR    : num  12 11 13.5 12.5 14.2 15.6 12 13.4 14.4 15.5 ...
 $ L_CRP    : num  18 15.5 18 17.5 17.3 18.2 13.2 14.4 19.5 18.9 ...
 $ P_CJ_TD  : num  16.34 9.32 13.37 10.33 8.83 ...
 $ pP_CJ_TD : num  9.61 7.71 8.23 7.68 5.85 ...
 $ P_EFG    : num  0.16 0.15 0.16 0.24 0.12 0.2 0.08 0.12 0.15 0.16 ...
 $ p1P_EFG  : num  0.094 0.124 0.099 0.178 0.08 0.105 0.134 0.109 0.09 0.082 ...
 $ p2P_EFG  : num  0.98 1.61 1.2 2.32 1.36 1.36 2.31 1.7 0.58 0.47 ...
 $ P_CC_EST : num  4.21 2.31 2.39 2.08 1.52 2.92 0.62 1.87 5.76 7.52 ...
```

```

$ p1P_CC_EST: num 2.48 1.91 1.47 1.55 1.01 1.53 1.04 1.7 3.46 3.87 ...
$ p2P_CC_EST: num 25.8 24.8 17.9 20.1 17.2 ...
$ P_SC_EST : num 0.89 0.65 1.19 0.23 0.77 1.59 0.57 1 1.65 1.35 ...
$ p1P_SC_EST: num 0.52 0.54 0.73 0.17 0.51 0.83 0.95 0.91 0.99 0.69 ...
$ p2P_SC_EST: num 5.45 6.97 8.9 2.23 8.72 ...
$ P_DUO : num 0.41 0.38 0.5 0.45 0.32 0.53 0.28 0.28 0.91 0.57 ...
$ P_YE : num 4.08 3.97 4.51 3.46 3.95 5.65 1.59 3.56 7.06 8.76 ...
$ P_IL : num 0.1 0.12 0.12 0.08 0.07 0.12 0.06 0.08 0.11 0.17 ...
$ VOL.CG : num 305 310 305 310 302 ...
$ p1P_VOL.CG: logi NA NA NA NA NA NA ...
$ P_CC.CG : num 2.83 1.82 4.7 3.1 2.07 ...
$ p1P_CC.CG : num 1.66 1.51 2.89 2.3 1.37 2.32 1.26 0.63 6.73 8.12 ...
$ p2P_CC.CG : num 17.3 19.5 35.1 30 23.4 ...
$ P_SC.CG : num 2 1 1.42 1.2 1.06 1.74 0.46 0.54 4.06 4.04 ...
$ p1P_SC.CG : num 1.18 0.83 0.87 0.89 0.7 0.91 0.77 0.49 2.44 2.08 ...
$ p2P_SC.CG : num 12.2 10.7 10.6 11.6 12 ...
$ LOB.CG : int 29 34 27 34 35 33 35 41 24 28 ...
> DATOS$SEX0 <- as.factor(DATOS$SEX0)
> DATOS$DIA <- as.factor(DATOS$DIA)
> #
> # POR EDAD
> DIA1<- subset(DATOS, DIA == "1")
> DIA7<- subset(DATOS, DIA == "7")
> DIA10<- subset(DATOS, DIA == "10")
> DIA14<- subset(DATOS, DIA == "14")
> DIA21<- subset(DATOS, DIA == "21")
> DIA116<- subset(DATOS, DIA == "116")
> #
> #VARIABLE RESPUESTA VR1 =
> VR <- DATOS$pP_CJ_TD
> #
> # VARIABLE RRESPUESTA POR GRUPOS
> VR1 <- DIA1$pP_CJ_TD
> VR7 <- DIA7$pP_CJ_TD
> VR10 <- DIA10$pP_CJ_TD
> VR14 <- DIA14$pP_CJ_TD
> VR21 <- DIA21$pP_CJ_TD
> VR116 <- DIA116$pP_CJ_TD
> #
> library(car)
> library(emmeans)
> library(psych)
> #
> #PRUEBA DE NORMALIDAD
> boxplot(VR~DATOS$SEX0)
> boxplot(VR~DATOS$DIA)
> #
> #PRUEBA DE NORMALIDAD, HOMOGENEIDAD DE VARIANZA "FLIGNER-KIILLEN Y LEVENNE"
> library(nortest)
> shapiro.test(VR1)

```

Shapiro-Wilk normality test

```

data: VR1
W = 0.91761, p-value = 0.4108

```

```
> shapiro.test(VR7)
```

Shapiro-Wilk normality test

```

data: VR7
W = 0.84448, p-value = 0.08372

```

```
> shapiro.test(VR10)
```

Shapiro-Wilk normality test

```

data: VR10
W = 0.97167, p-value = 0.9108

```

```
> shapiro.test(VR14)
```

Shapiro-Wilk normality test

```

data: VR14
W = 0.94606, p-value = 0.6715

```

```

> shapiro.test(VR21)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR21
W = 0.86353, p-value = 0.1302

> shapiro.test(VR116)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR116
W = 0.9133, p-value = 0.3779

> #
> fligner.test(x = list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))

      Fligner-Killeen test of homogeneity of variances

data:  list(VR1, VR7, VR10, VR14, VR21, VR116)
Fligner-Killeen:med chi-squared = 3.3474, df = 5, p-value = 0.6466

> leveneTest(VR ~ DATOS$DIA ,center = "median")
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = "median")
      Df F value Pr(>F)
group  5  0.6816 0.6399
      42

> #
> bartlett.test(VR ~ DATOS$DIA)

      Bartlett test of homogeneity of variances

data:  VR by DATOS$DIA
Bartlett's K-squared = 6.3397, df = 5, p-value = 0.2746

> bartlett.test(list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))

      Bartlett test of homogeneity of variances

data:  list(VR1, VR7, VR10, VR14, VR21, VR116)
Bartlett's K-squared = 6.3397, df = 5, p-value = 0.2746

> #
> # MODELO USADO
> MODELO1 <- aov(VR ~ DATOS$PV_B + DATOS$SEXO + DATOS$DIA)
> summary.lm(MODELO1)

Call:
aov(formula = VR ~ DATOS$PV_B + DATOS$SEXO + DATOS$DIA)

Residuals:
      Min       1Q   Median       3Q      Max
-5.7979 -1.7084 -0.2003  1.1741  6.5786

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   7.807527   1.241664   6.288 1.86e-07 ***
DATOS$PV_B    -0.001489   0.005878  -0.253  0.80128
DATOS$SEXOM   -0.460565   0.775672  -0.594  0.55601
DATOS$DIA7    10.470988   1.337431   7.829 1.35e-09 ***
DATOS$DIA10   10.103501   1.456755   6.936 2.31e-08 ***
DATOS$DIA14   12.683879   1.607135   7.892 1.11e-09 ***
DATOS$DIA21   15.832897   1.887435   8.389 2.37e-10 ***
DATOS$DIA116  14.455430   4.101188   3.525  0.00108 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 2.631 on 40 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.8107, Adjusted R-squared:  0.7776
F-statistic: 24.48 on 7 and 40 DF, p-value: 1.404e-12

> #
> #ANALISIS DE VARIANZA
> anova(MODELO1)
Analysis of Variance Table

Response: VR

```

```

      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
DATOS$PV_B 1 318.74   318.74 46.0397 3.738e-08 ***
DATOS$SEXO 1   7.73    7.73  1.1165   0.297
DATOS$DIA  5 859.73   171.95 24.8365 2.692e-11 ***
Residuals 40 276.92    6.92
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> # COMAPRACIO NDE MEDIAS GENERAL
> ##
> #PRUEBA DE TUKEY usando libreria agricoale
> library(agricolae)
> outHSD1 <-HSD.test(MODEL01, "DATOS$SEXO",console=TRUE)

Study: MODEL01 ~ "DATOS$SEXO"

HSD Test for VR

Mean Square Error:  6.923113

DATOS$SEXO,  means

      VR      std r      se Min  Max   Q25   Q50   Q75
H 17.91708 6.379456 24 0.5370876 5.79 27.66 15.9225 19.110 22.3575
M 17.41667 4.773451 24 0.5370876 7.68 24.09 15.5600 18.625 20.7875

Alpha: 0.05 ; DF Error: 40
Critical Value of Studentized Range: 2.858232

Minimun Significant Difference: 1.535121

Treatments with the same letter are not significantly different.

      VR groups
H 17.91708    a
M 17.41667    a
> outHSD2 <-HSD.test(MODEL01, "DATOS$DIA",console=TRUE)

Study: MODEL01 ~ "DATOS$DIA"

HSD Test for VR

Mean Square Error:  6.923113

DATOS$DIA,  means

      VR      std r      se Min  Max   Q25   Q50   Q75
1  7.37250 1.301568 8 0.9302629 5.79 9.61 6.2550 7.695 7.8475
10 17.31750 3.256000 8 0.9302629 11.84 21.85 15.9225 17.735 19.0225
116 20.84375 1.995330 8 0.9302629 18.67 24.09 19.4200 20.200 22.3575
14 19.82250 2.566786 8 0.9302629 16.67 23.90 18.2550 19.360 21.2625
21 22.86250 2.704270 8 0.9302629 20.12 27.66 21.1175 21.695 24.1400
7  17.78250 3.142450 8 0.9302629 14.79 24.61 15.5600 17.130 18.5350

Alpha: 0.05 ; DF Error: 40
Critical Value of Studentized Range: 4.231644

Minimun Significant Difference: 3.936541

Treatments with the same letter are not significantly different.

      VR groups
21 22.86250    a
116 20.84375   ab
14 19.82250   ab
7  17.78250    b
10 17.31750    b
1  7.37250     c
> #
> #EVALUACION GRAFICA DE NORMALIDAD DE RESIDUOS DEL MODELO
> #
> qqnorm(MODEL01$residuals)
> qqline(MODEL01$residuals)
> par(mfrow = c(1,2))
> plot(MODEL01, which = 1:4)
<Enter> para ver el próximo gráfico: #
<Enter> para ver el próximo gráfico: #normalidad de residuos
> library(nortest)

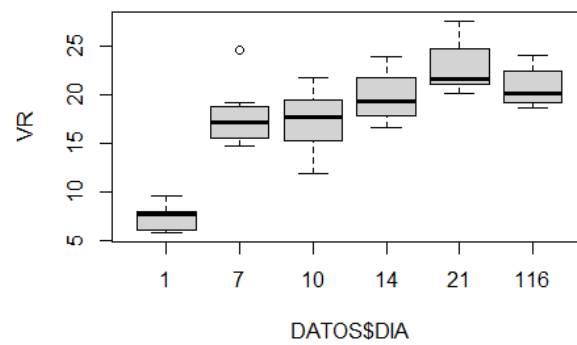
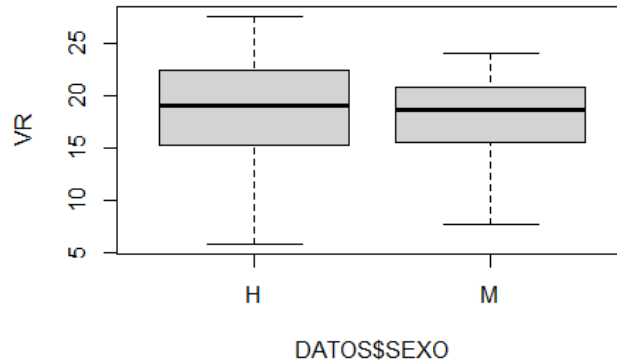
```



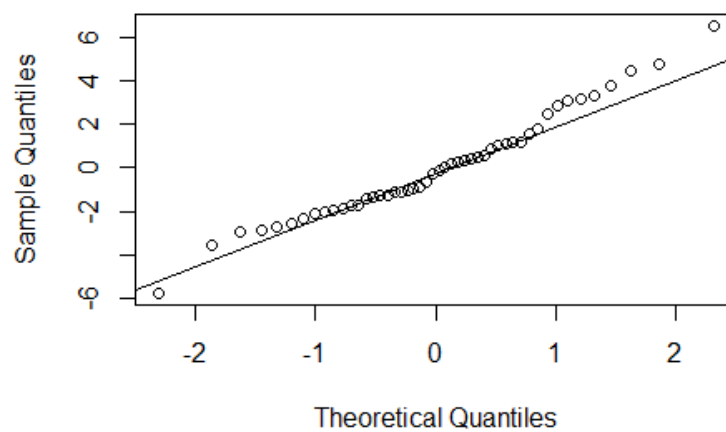
```
> prueba_KS<-lillie.test(MODELO1$residuals)
> prueba_KS
```

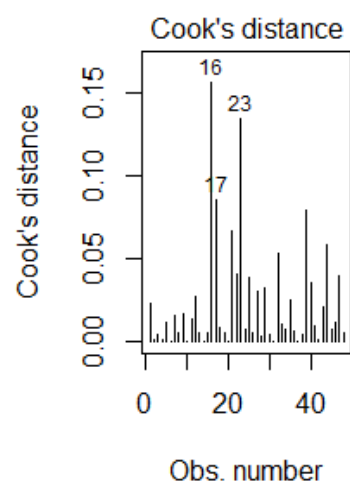
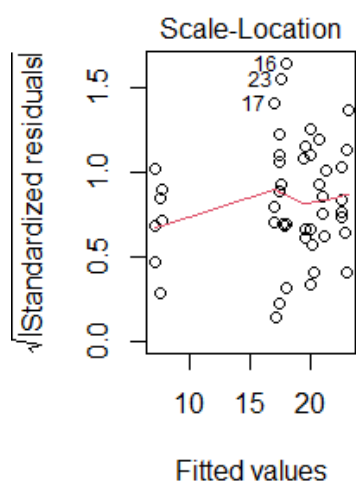
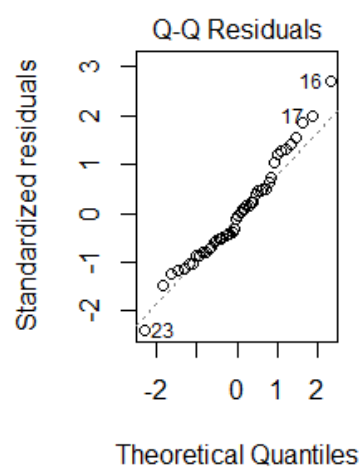
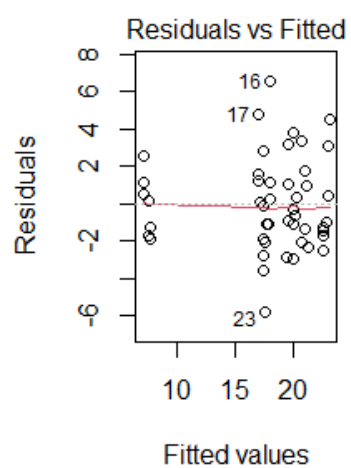
Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test

data: MODELO1\$residuals
D = 0.10502, p-value = 0.2052



Normal Q-Q Plot





Anexo 8. Líneas de comando para el análisis de varianza del “estómago túnica mucosa”

SCRIPT

```
#### TESIS MARCELA - FIORELLA
setwd("E:/INVESTIGACIONES UNSAAC/MARCELA - FIORELLA HIST/RESULTADOS GEN")
DATOS<-read.csv('DATAHIST_TD1.csv', sep = ";", header = T)
str(DATOS)
DATOS$SEXO <- as.factor(DATOS$SEXO)
DATOS$DIA <- as.factor(DATOS$DIA)
DATOS$ANIMAL <- as.factor(DATOS$ANIMAL)
DATOS$ORGANO <-as.factor(DATOS$ORGANO)
#
# GENERAR SUB CONUNTOS PARA CUARTO
CIEGO<-subset(DATOS, ORGANO == "CIEGO")
ESTOMAGO<-subset(DATOS, ORGANO == "ESTOMAGO")
ILEON <-subset(DATOS, ORGANO == "ILEON")
DUODENO <-subset(DATOS, ORGANO == "DUODENO")
YEYUNO <-subset(DATOS, ORGANO == "YEYUNO")
#
DATA1<-ESTOMAGO # CAMBIAR PARA ORGANDO
# ANALISIS DEL CIEGO
#
# POR EDAD
DIA1<- subset(DATA1, DIA == "1")
DIA7<- subset(DATA1, DIA == "7")
DIA10<- subset(DATA1, DIA == "10")
DIA14<- subset(DATA1, DIA == "14")
DIA21<- subset(DATA1, DIA == "21")
DIA116<- subset(DATA1, DIA == "116")
#
#VARIABLE RESPUESTA VR1 =
VR <- DATA1$MUCOSA
#
# VARIABLE RRESPUESTA POR GRUPOS
VR1 <- DIA1$MUCOSA
VR7 <- DIA7$MUCOSA
VR10 <- DIA10$MUCOSA
VR14 <- DIA14$MUCOSA
VR21 <- DIA21$MUCOSA
VR116 <- DIA116$MUCOSA
#
library(car)
library(emmeans)
library(psych)
#
#PRUEBA DE NORMALIDAD
boxplot(VR~DATA1$SEXO)
boxplot(VR~DATA1$DIA)
#
#PRUEBA DE NORMALIDAD, HOMOGENEIDAD DE VARIANZA "FLIGNER-KIILLEN Y LEVENNE"
library(nortest)
shapiro.test(VR1)
shapiro.test(VR7)
shapiro.test(VR10)
shapiro.test(VR14)
shapiro.test(VR21)
shapiro.test(VR116)
#
fligner.test(x = list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))
leveneTest(VR ~ DATA1$DIA ,center = "median")
#
bartlett.test(VR ~ DATA1$DIA)
bartlett.test(list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))
#
# MODELO USADO
MODELO1 <- aov(VR ~ DATA1$SEXO + DATA1$DIA + DATA1$ANIMAL)
```

```

summary.lm(MODELO1)
#
#ANALISIS DE VARIANZA
anova(MODELO1)
# COMAPRACIO NDE MEDIAS GENERAL
##
#PRUEBA DE TUKEY usando libreria agricola
library(agricolae)
outhSD1 <-HSD.test(MODELO1, "DATA1$SEX0",console=TRUE)
outhSD2 <-HSD.test(MODELO1, "DATA1$DIA",console=TRUE)
outhSD3 <-HSD.test(MODELO1, "DATA1$ORGANO",console=TRUE)
#
#EVALUACION GRAFICA DE NORMALIDAD DE RESIDUOS DEL MODELO
#
qqnorm(MODELO1$residuals)
qqline(MODELO1$residuals)
par(mfrow = c(1,2))
plot(MODELO1, which = 1:4)
#
#normalidad de residuos
library(nortest)
prueba_KS<-lillie.test(MODELO1$residuals)
prueba_KS

```

RESULTADOS

```

> ### TESIS MARCELA - FIORELLA
> setwd("E:/INVESTIGACIONES UNSAAC/MARCELA - FIORELLA HIST/RESULTADOS GEN")
> DATOS<-read.csv('DATAHIST_TD1.csv', sep = ";", header = T)
> str(DATOS)
'data.frame': 240 obs. of  10 variables:
 $ SEX0      : chr  "MACHO" "MACHO" "MACHO" "MACHO" ...
 $ DIA       : int   1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ ANIMAL    : int   1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 ...
 $ ORGANO    : chr   "CIEGO" "ESTOMAGO" "ILEON" "DUODENO" ...
 $ CAP_CER_MUSC: num  196.3 80.4 NA NA NA ...
 $ MUSC_LONG  : num   24.6 14.8 11.6 12.9 9.8 12.7 27.8 7.9 7.7 17.9 ...
 $ MUSC_CIRC  : num   154.2 39.1 33.5 48.4 34.1 ...
 $ SUBMUC     : num   107.2 14.1 30.8 26 50.2 ...
 $ MUCOSAE   : num    4.7 11 5.9 5.8 11.5 9.8 18.7 13.8 6.4 5.5 ...
 $ MUCOSA    : num   171.8 143.2 51 76.2 71.1 ...
> DATOS$SEX0 <- as.factor(DATOS$SEX0)
> DATOS$DIA <- as.factor(DATOS$DIA)
> DATOS$ANIMAL <- as.factor(DATOS$ANIMAL)
> DATOS$ORGANO <-as.factor(DATOS$ORGANO)
> #
> # GENERAR SUB CONUNTOS PARA CUARTO
> CIEGO<-subset(DATOS, ORGANO == "CIEGO")
> ESTOMAGO<-subset(DATOS, ORGANO == "ESTOMAGO")
> ILEON <-subset(DATOS, ORGANO == "ILEON")
> DUODENO <-subset(DATOS, ORGANO == "DUODENO")
> YEYUNO <-subset(DATOS, ORGANO == "YHEYUNO")
> #
> DATA1<-ESTOMAGO # CAMBIAR PARA ORGANDO
> # ANALISIS DEL CIEGO
> #
> # POR EDAD
> DIA1<- subset(DATA1, DIA == "1")
> DIA7<- subset(DATA1, DIA == "7")
> DIA10<- subset(DATA1, DIA == "10")
> DIA14<- subset(DATA1, DIA == "14")
> DIA21<- subset(DATA1, DIA == "21")
> DIA116<- subset(DATA1, DIA == "116")
> #
> #VARIABLE RESPUESTA VR1 =
> VR <- DATA1$MUCOSA
> #

```

```

> # VARIABLE RRESPESTA POR GRUPOS
> VR1 <- DIA1$MUCOSA
> VR7 <- DIA7$MUCOSA
> VR10 <- DIA10$MUCOSA
> VR14 <- DIA14$MUCOSA
> VR21 <- DIA21$MUCOSA
> VR116 <- DIA116$MUCOSA
> #
> library(car)
> library(emmeans)
> library(psych)
> #
> #PRUEBA DE NORMALIDAD
> boxplot(VR~DATA1$SEX0)
> boxplot(VR~DATA1$DIA)
> #
> #PRUEBA DE NORMALIDAD, HOMOGENEIDAD DE VARIANZA "FLIGNER-KIILLEN Y LEVENNE"
> library(nortest)
> shapiro.test(VR1)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR1
W = 0.91313, p-value = 0.418

> shapiro.test(VR7)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR7
W = 0.88626, p-value = 0.2557

> shapiro.test(VR10)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR10
W = 0.90335, p-value = 0.3518

> shapiro.test(VR14)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR14
W = 0.85847, p-value = 0.1159

> shapiro.test(VR21)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR21
W = 0.92046, p-value = 0.4336

> shapiro.test(VR116)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR116
W = 0.92558, p-value = 0.5465

> #
> fligner.test(x = list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))

      Fligner-Killeen test of homogeneity of variances

data:  list(VR1, VR7, VR10, VR14, VR21, VR116)
Fligner-Killeen:med chi-squared = 8.4096, df = 5, p-value = 0.1351

```

```

> leveneTest(VR ~ DATA1$DIA ,center = "median")
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = "median")
  Df F value Pr(>F)
group 5  1.9907 0.1029
      37
> #
> bartlett.test(VR ~ DATA1$DIA)

    Bartlett test of homogeneity of variances

data:  VR by DATA1$DIA
Bartlett's K-squared = 8.3593, df = 5, p-value = 0.1375

> bartlett.test(list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))

    Bartlett test of homogeneity of variances

data:  list(VR1, VR7, VR10, VR14, VR21, VR116)
Bartlett's K-squared = 8.3593, df = 5, p-value = 0.1375

> #
> # MODELO USADO
> MODELO1 <- aov(VR ~ DATA1$SEXO + DATA1$DIA + DATA1$ANIMAL)
> summary.lm(MODELO1)

Call:
aov(formula = VR ~ DATA1$SEXO + DATA1$DIA + DATA1$ANIMAL)

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-82.43 -32.65   0.00  32.65  82.43

Coefficients: (5 not defined because of singularities)
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)    134.682     43.796   3.075  0.00623 **
DATA1$SEXOMACHO  28.835     19.114   1.509  0.14786
DATA1$DIA7       79.050     60.445   1.308  0.20654
DATA1$DIA10     109.650     60.445   1.814  0.08549 .
DATA1$DIA14     191.350     60.445   3.166  0.00509 **
DATA1$DIA21     137.050     60.445   2.267  0.03523 *
DATA1$DIA116    151.850     60.445   2.512  0.02119 *
DATA1$ANIMAL2     66.950     60.445   1.108  0.28185
DATA1$ANIMAL3     10.882     74.643   0.146  0.88562
DATA1$ANIMAL4     23.400     60.445   0.387  0.70296
DATA1$ANIMAL5    -22.950     60.445  -0.380  0.70839
DATA1$ANIMAL6    -10.400     60.445  -0.172  0.86521
DATA1$ANIMAL7     -7.568     74.643  -0.101  0.92031
DATA1$ANIMAL8         NA         NA      NA      NA
DATA1$ANIMAL9     -7.000     60.445  -0.116  0.90902
DATA1$ANIMAL10   -96.232     74.643  -1.289  0.21279
DATA1$ANIMAL11   -46.550     60.445  -0.770  0.45069
DATA1$ANIMAL12         NA         NA      NA      NA
DATA1$ANIMAL13  -130.950     60.445  -2.166  0.04320 *
DATA1$ANIMAL14   -28.500     60.445  -0.472  0.64265
DATA1$ANIMAL15    -3.450     60.445  -0.057  0.95508
DATA1$ANIMAL16         NA         NA      NA      NA
DATA1$ANIMAL17   -43.100     60.445  -0.713  0.48448
DATA1$ANIMAL18    -4.300     60.445  -0.071  0.94403
DATA1$ANIMAL19    32.450     60.445   0.537  0.59760
DATA1$ANIMAL20         NA         NA      NA      NA
DATA1$ANIMAL21    61.650     60.445   1.020  0.32057
DATA1$ANIMAL22    46.150     60.445   0.764  0.45454
DATA1$ANIMAL24         NA         NA      NA      NA
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 60.44 on 19 degrees of freedom
(5 observations deleted due to missingness)

```

Multiple R-squared: 0.7139, Adjusted R-squared: 0.3675
F-statistic: 2.061 on 23 and 19 DF, p-value: 0.05691

```
> #
> #ANALISIS DE VARIANZA
> anova(MODEL01)
Analysis of Variance Table
```

Response: VR

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
DATA1\$SEX0	1	7850	7849.6	2.1485	0.159064
DATA1\$DIA	5	119602	23920.4	6.5472	0.001066 **
DATA1\$ANIMAL	17	45728	2689.9	0.7362	0.734918
Residuals	19	69417	3653.5		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```
> # COMAPRACIO NDE MEDIAS GENERAL
> ##
> #PRUEBA DE TUKEY usando libreria agricola
> library(agricolae)
> outhSD1 <-HSD.test(MODEL01, "DATA1$SEX0",console=TRUE)
```

Study: MODEL01 ~ "DATA1\$SEX0"

HSD Test for VR

Mean Square Error: 3653.538

DATA1\$SEX0, means

	VR	std	r	se	Min	Max	Q25	Q50	Q75
HEMBRA	243.3524	63.56133	21	13.19007	148.1	386.1	203.800	235.9	279.600
MACH0	270.3818	85.62006	22	12.88681	143.2	414.6	229.075	248.1	315.425

Alpha: 0.05 ; DF Error: 19

Critical Value of Studentized Range: 2.959983

Groups according to probability of means differences and alpha level(0.05)

Treatments with the same letter are not significantly different.

VR groups

MACH0	270.3818	a
HEMBRA	243.3524	a

```
> outhSD2 <-HSD.test(MODEL01, "DATA1$DIA",console=TRUE)
```

Study: MODEL01 ~ "DATA1\$DIA"

HSD Test for VR

Mean Square Error: 3653.538

DATA1\$DIA, means

	VR	std	r	se	Min	Max	Q25	Q50	Q75
1	178.5286	32.85649	7	22.84588	143.2	227.4	150.000	174.40	202.350
10	227.6429	47.02407	7	22.84588	148.1	278.7	207.550	238.80	256.400
116	336.8833	68.46600	6	24.67637	248.2	414.6	288.300	334.05	396.525
14	299.7250	85.24200	8	21.37036	203.8	408.8	215.175	290.35	386.600
21	282.4125	59.66350	8	21.37036	214.4	401.3	244.750	266.20	308.400
7	219.6000	33.28603	7	22.84588	159.5	250.9	202.550	235.00	243.350

Alpha: 0.05 ; DF Error: 19

Critical Value of Studentized Range: 4.468454

Groups according to probability of means differences and alpha level(0.05)

Treatments with the same letter are not significantly different.

```

      VR groups
116 336.8833    a
 14 299.7250   ab
 21 282.4125   ab
 10 227.6429   bc
  7 219.6000   bc
  1 178.5286    c
> #outhSD3 <-HSD.test(MODELO1, "DATA1$ORGANO",console=TRUE)
> #
> #EVALUACION GRAFICA DE NORMALIDAD DE RESIDUOS DEL MODELO
> #
> qqnorm(MODELO1$residuals)
> qqline(MODELO1$residuals)
> par(mfrow = c(1,2))
> plot(MODELO1, which = 1:4)
<Enter> para ver el próximo gráfico: #
<Enter> para ver el próximo gráfico: #normalidad de residuos
Aviso:
not plotting observations with leverage one:
 3, 7, 30
> library(nortest)
> prueba_KS<-lillie.test(MODELO1$residuals)
> prueba_KS

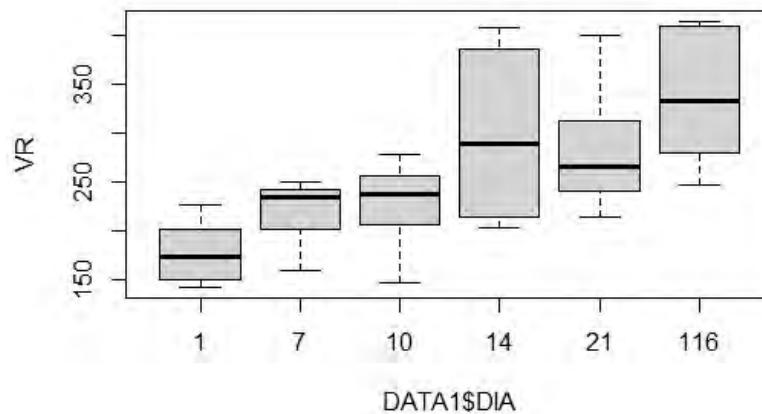
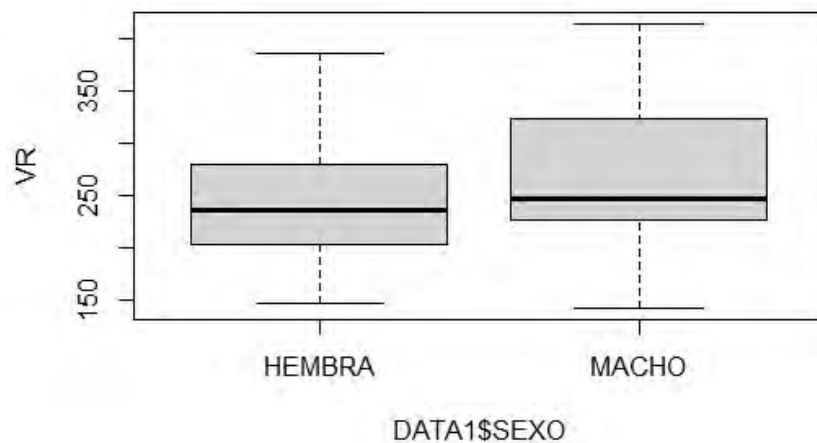
```

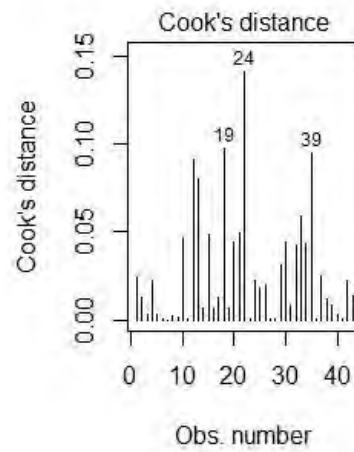
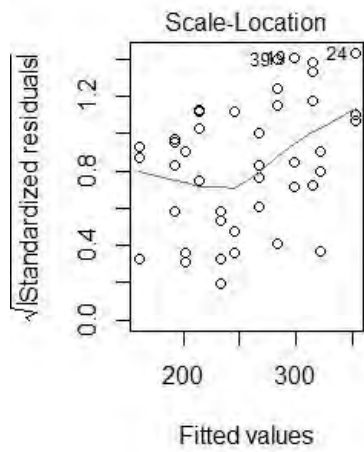
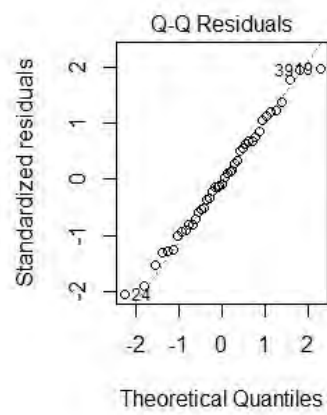
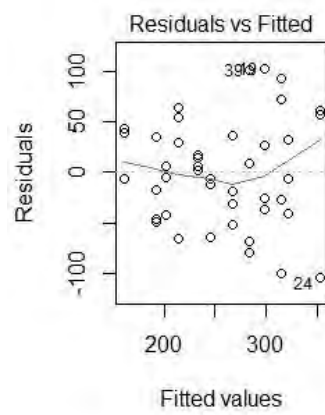
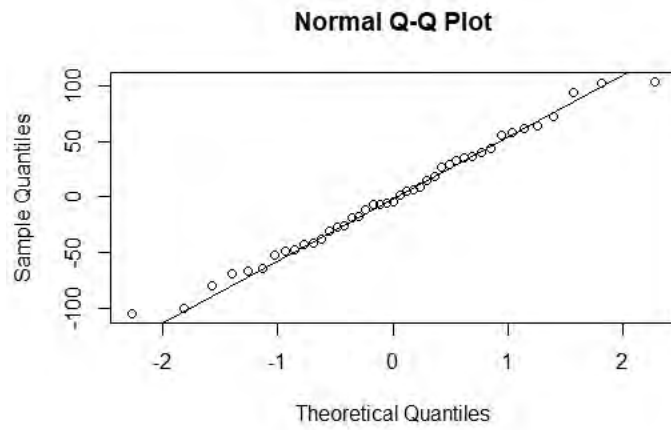
Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test

```

data: MODELO1$residuals
D = 0.081519, p-value = 0.6717

```





Anexo 9. Líneas de comando para el análisis de varianza de “vellosidades del duodeno”

SCRIPT

```
setwd("E:/INVESTIGACIONES UNSAAC/MARCELA - FIORELLA HIST/RESULTADOS GEN")
DATOS<-read.csv('DATAHIST_ID1.csv', sep = ";", header = T)
str(DATOS)
DATOS$SEXO <- as.factor(DATOS$SEXO)
DATOS$DIA <- as.factor(DATOS$DIA)
DATOS$ANIMAL <- as.factor(DATOS$ANIMAL)
DATOS$ORGANO <-as.factor(DATOS$ORGANO)
#
# GENERAR SUB CONUNTOS PARA CUARTO
ILEON<-subset(DATOS, ORGANO == "ILEON")
DUODENO <-subset(DATOS, ORGANO == "DUODENO")
YEYUNO <-subset(DATOS, ORGANO == "YEYUNO")
#
DATA1<-DUODENO # CAMBIAR PARA ORGANO
# ANALISIS DEL CIEGO
#
# POR EDAD
DIA1<- subset(DATA1, DIA == "1")
DIA7<- subset(DATA1, DIA == "7")
DIA10<- subset(DATA1, DIA == "10")
DIA14<- subset(DATA1, DIA == "14")
DIA21<- subset(DATA1, DIA == "21")
DIA116<- subset(DATA1, DIA == "116")
#
#VARIABLE RESPUESTA VR1 =
VR <- DATA1$VELLOCIDAD
#
# VARIABLE RRESPUESTA POR GRUPOS
VR1 <- DIA1$VELLOCIDAD
VR7 <- DIA7$VELLOCIDAD
VR10 <- DIA10$VELLOCIDAD
VR14 <- DIA14$VELLOCIDAD
VR21 <- DIA21$VELLOCIDAD
VR116 <- DIA116$VELLOCIDAD
#
library(car)
library(emmeans)
library(psych)
#
#PRUEBA DE NORMALIDAD
boxplot(VR~DATA1$SEXO)
boxplot(VR~DATA1$DIA)
#
#PRUEBA DE NORMALIDAD, HOMOGENEIDAD DE VARIANZA "FLIGNER-KIILLEN Y LEVENNE"
library(nortest)
shapiro.test(VR1)
shapiro.test(VR7)
shapiro.test(VR10)
shapiro.test(VR14)
shapiro.test(VR21)
shapiro.test(VR116)
#
fligner.test(x = list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))
leveneTest(VR ~ DATA1$DIA ,center = "median")
#
bartlett.test(VR ~ DATA1$DIA)
bartlett.test(list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))
#
# MODELO USADO
MODELO1 <- aov(VR ~ DATA1$SEXO + DATA1$DIA + DATA1$REP%in%DATA1$ANIMAL)
summary.lm(MODELO1)
#
#ANALISIS DE VARIANZA
```

```

anova(MODELO1)
# COMAPRACIÓN DE MEDIAS GENERAL
##
#PRUEBA DE TUKEY usando libreria agricola
library(agricolae)
outhSD1 <-HSD.test(MODELO1, "DATA1$SEXO",console=TRUE)
outhSD2 <-HSD.test(MODELO1, "DATA1$DIA",console=TRUE)
#outhSD3 <-HSD.test(MODELO1, "DATA1$ORGANO", console=TRUE)
#
#EVALUACION GRAFICA DE NORMALIDAD DE RESIDUOS DEL MODELO
#
qqnorm(MODELO1$residuals)
qqline(MODELO1$residuals)
par(mfrow = c(1,2))
plot(MODELO1, which = 1:4)
#
#normalidad de residuos
library(nortest)
prueba_KS<-lillie.test(MODELO1$residuals)
prueba_KS
RESULTADOS
> setwd("E:/INVESTIGACIONES UNSAAC/MARCELA - FIORELLA HIST/RESULTADOS GEN")
> DATOS<-read.csv('DATAHIST_ID1.csv', sep = ";", header = T)
> str(DATOS)
'data.frame': 864 obs. of 6 variables:
 $ SEXO      : chr  "MACHO" "MACHO" "MACHO" "MACHO" ...
 $ DIA       : int   1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ ANIMAL    : int   1 1 1 2 2 2 3 3 3 4 ...
 $ ORGANO    : chr   "ILEON" "DUODENO" "YEYUNO" "ILEON" ...
 $ REP       : int   1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 ...
 $ VELLOCIDAD: num   414 424 566 195 619 ...
> DATOS$SEXO <- as.factor(DATOS$SEXO)
> DATOS$DIA <- as.factor(DATOS$DIA)
> DATOS$ANIMAL <- as.factor(DATOS$ANIMAL)
> DATOS$ORGANO <-as.factor(DATOS$ORGANO)
> #
> # GENERAR SUB CONUNTOS PARA CUARTO
> ILEON <-subset(DATOS, ORGANO == "ILEON")
> DUODENO <-subset(DATOS, ORGANO == "DUODENO")
> YEYUNO <-subset(DATOS, ORGANO == "YEYUNO")
> #
> DATA1<-DUODENO # CAMBIAR PARA ORGANDO
> # ANALISIS DEL CIEGO
> #
> # POR EDAD
> DIA1<- subset(DATA1, DIA == "1")
> DIA7<- subset(DATA1, DIA == "7")
> DIA10<- subset(DATA1, DIA == "10")
> DIA14<- subset(DATA1, DIA == "14")
> DIA21<- subset(DATA1, DIA == "21")
> DIA116<- subset(DATA1, DIA == "116")
> #
> #VARIABLE RESPUESTA VR1 =
> VR <- DATA1$VELLOCIDAD
> #
> # VARIABLE RRESPUESTA POR GRUPOS
> VR1 <- DIA1$VELLOCIDAD
> VR7 <- DIA7$VELLOCIDAD
> VR10 <- DIA10$VELLOCIDAD
> VR14 <- DIA14$VELLOCIDAD
> VR21 <- DIA21$VELLOCIDAD
> VR116 <- DIA116$VELLOCIDAD
> #
> library(car)
> library(emmeans)
> library(psych)
> #
> #PRUEBA DE NORMALIDAD

```

```

> boxplot(VR~DATA1$SEX0)
> boxplot(VR~DATA1$DIA)
> #
> #PRUEBA DE NORMALIDAD, HOMOGENEIDAD DE VARIANZA "FLIGNER-KIILLEN Y LEVENNE"
> library(nortest)
> shapiro.test(VR1)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR1
W = 0.93686, p-value = 0.01497

> shapiro.test(VR7)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR7
W = 0.9619, p-value = 0.1205

> shapiro.test(VR10)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR10
W = 0.95053, p-value = 0.04915

> shapiro.test(VR14)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR14
W = 0.99147, p-value = 0.9778

> shapiro.test(VR21)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR21
W = 0.97294, p-value = 0.3546

> shapiro.test(VR116)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR116
W = 0.97515, p-value = 0.4239

> #
> fligner.test(x = list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))

      Fligner-Killeen test of homogeneity of variances

data:  list(VR1, VR7, VR10, VR14, VR21, VR116)
Fligner-Killeen:med chi-squared = 16.983, df = 5, p-value = 0.004531

> leveneTest(VR ~ DATA1$DIA ,center = "median")
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = "median")
      Df F value    Pr(>F)
group  5  3.6414 0.003314 **
      274
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> #
> bartlett.test(VR ~ DATA1$DIA)

      Bartlett test of homogeneity of variances

data:  VR by DATA1$DIA

```

Bartlett's K-squared = 19.23, df = 5, p-value = 0.001741

```
> bartlett.test(list(VR1,VR7,VR10,VR14,VR21,VR116))
```

Bartlett test of homogeneity of variances

```
data: list(VR1, VR7, VR10, VR14, VR21, VR116)
```

Bartlett's K-squared = 19.23, df = 5, p-value = 0.001741

```
> #  
> # MODELO USADO  
> MODELO1 <- aov(VR ~ DATA1$SEXO + DATA1$DIA + DATA1$REP%in%DATA1$ANIMAL)  
> summary.lm(MODELO1)
```

Call:

```
aov(formula = VR ~ DATA1$SEXO + DATA1$DIA + DATA1$REP %in% DATA1$ANIMAL)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-331.00	-99.10	-8.18	87.35	474.42

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)	
(Intercept)	336.5383	49.4251	6.809	7.31e-11	***
DATA1\$SEXOMACHO	55.9529	17.5728	3.184	0.00164	**
DATA1\$DIA7	66.3220	68.5155	0.968	0.33399	
DATA1\$DIA10	94.3934	68.9791	1.368	0.17241	
DATA1\$DIA14	110.7536	68.5155	1.616	0.10726	
DATA1\$DIA21	62.0719	69.2104	0.897	0.37066	
DATA1\$DIA116	126.2439	69.2149	1.824	0.06936	.
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL1	-5.5616	15.6245	-0.356	0.72218	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL2	7.6790	15.6245	0.491	0.62353	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL3	6.9967	18.2686	0.383	0.70205	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL4	-3.9990	15.6245	-0.256	0.79821	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL5	-46.4453	15.5133	-2.994	0.00303	**
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL6	-19.2189	15.5133	-1.239	0.21656	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL7	21.4174	15.5133	1.381	0.16865	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL8	-20.5475	15.5133	-1.325	0.18655	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL9	-6.9198	18.2686	-0.379	0.70518	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL10	5.8921	15.6245	0.377	0.70642	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL11	7.8443	15.6245	0.502	0.61608	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL12	-17.0986	15.6245	-1.094	0.27486	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL13	-4.8746	15.5133	-0.314	0.75362	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL14	-3.3053	15.5133	-0.213	0.83145	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL15	3.7419	15.5133	0.241	0.80959	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL16	-2.8806	15.5133	-0.186	0.85284	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL17	52.8447	17.1256	3.086	0.00226	**
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL18	-12.3546	17.1256	-0.721	0.47133	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL19	-15.7145	15.6793	-1.002	0.31720	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL20	18.9174	15.6793	1.207	0.22876	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL21	0.8173	17.1190	0.048	0.96196	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL22	-33.9147	17.1190	-1.981	0.04868	*
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL23	-2.8234	15.6778	-0.180	0.85723	
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL24	17.2546	15.6778	1.101	0.27214	

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 146.2 on 249 degrees of freedom

(8 observations deleted due to missingness)

Multiple R-squared: 0.2814, Adjusted R-squared: 0.1948

F-statistic: 3.25 on 30 and 249 DF, p-value: 2.042e-07

```
> #  
> #ANALISIS DE VARIANZA  
> anova(MODELO1)  
Analysis of Variance Table
```

Response: VR

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
DATA1\$SEX0	1	239206	239206	11.1955	0.0009466	***
DATA1\$DIA	5	570445	114089	5.3397	0.0001109	***
DATA1\$REP:DATA1\$ANIMAL	24	1273451	53060	2.4834	0.0002491	***
Residuals	249	5320178	21366			

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

> # COMAPRACIO NDE MEDIAS GENERAL

> ##

> #PRUEBA DE TUKEY usando libreria agricola

> library(agricolae)

> outhSD1 <-HSD.test(MODEL01, "DATA1\$SEX0",console=TRUE)

Study: MODEL01 ~ "DATA1\$SEX0"

HSD Test for VR

Mean Square Error: 21366.18

DATA1\$SEX0, means

	VR	std	r	se	Min	Max	Q25	Q50	Q75
HEMBRA	404.0540	149.4661	137	12.48829	129.6	843.6	275.90	394.6	515.10
MACH0	462.5245	170.4554	143	12.22349	156.6	967.2	337.05	448.7	577.55

Alpha: 0.05 ; DF Error: 249

Critical Value of Studentized Range: 2.785346

Groups according to probability of means differences and alpha level(0.05)

Treatments with the same letter are not significantly different.

VR groups

MACH0 462.5245 a

HEMBRA 404.0540 b

> outhSD2 <-HSD.test(MODEL01, "DATA1\$DIA",console=TRUE)

Study: MODEL01 ~ "DATA1\$DIA"

HSD Test for VR

Mean Square Error: 21366.18

DATA1\$DIA, means

	VR	std	r	se	Min	Max	Q25	Q50	Q75
1	368.7283	115.1453	46	21.55185	163.3	618.8	273.075	348.05	423.475
10	452.3913	198.9366	46	21.55185	169.4	967.2	281.775	442.20	558.625
116	478.0326	133.4516	46	21.55185	145.8	730.4	395.675	487.55	579.500
14	468.8646	157.1553	48	21.09807	129.6	843.6	345.825	460.90	556.775
21	462.4152	186.9419	46	21.55185	161.4	868.9	322.900	458.75	588.375
7	374.1417	140.1138	48	21.09807	143.9	651.0	250.950	365.35	465.975

Alpha: 0.05 ; DF Error: 249

Critical Value of Studentized Range: 4.06169

Groups according to probability of means differences and alpha level(0.05)

Treatments with the same letter are not significantly different.

VR groups

116 478.0326 a

14 468.8646 a

21 462.4152 a

10 452.3913 ab

7 374.1417 b

1 368.7283 b

> #outhSD3 <-HSD.test(MODEL01, "DATA1\$ORGANO", console=TRUE)

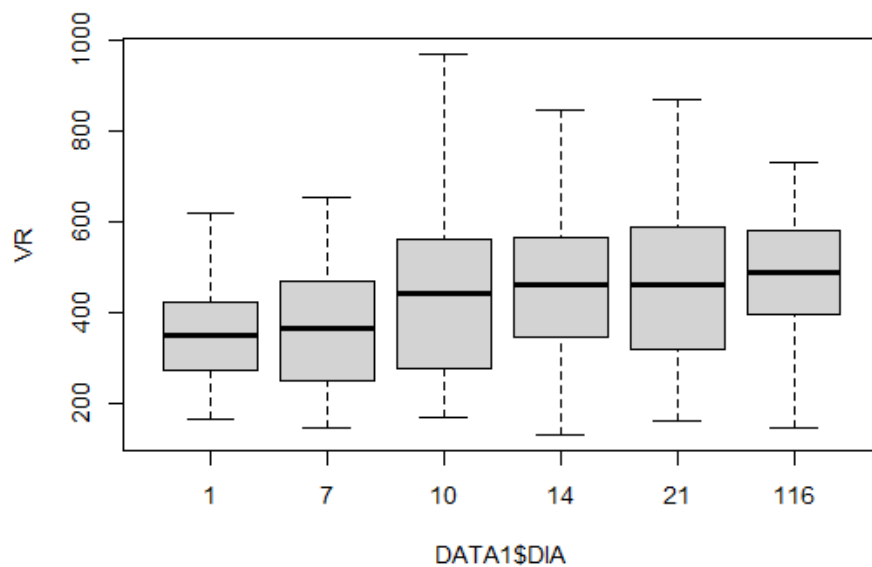
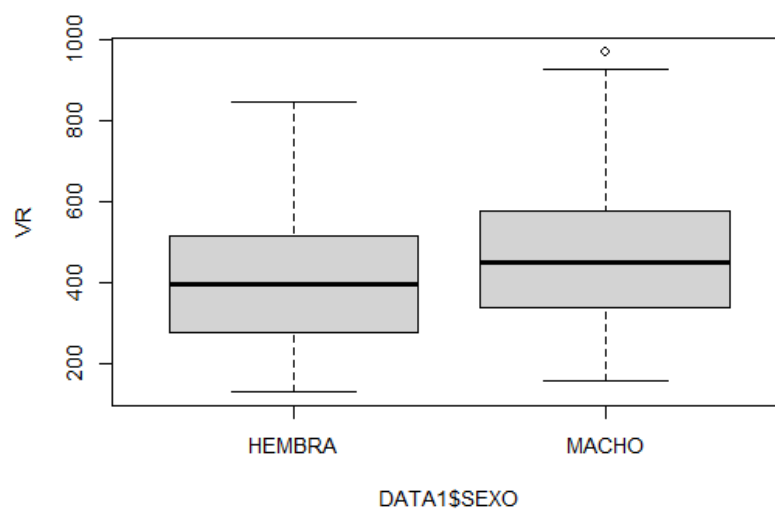
```

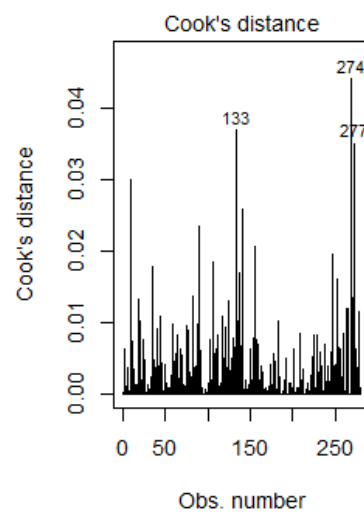
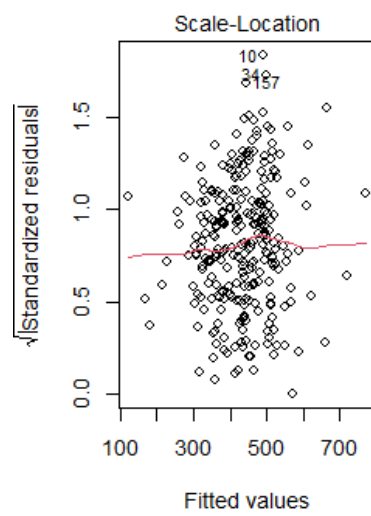
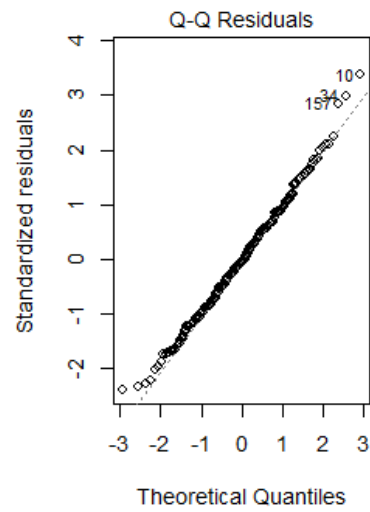
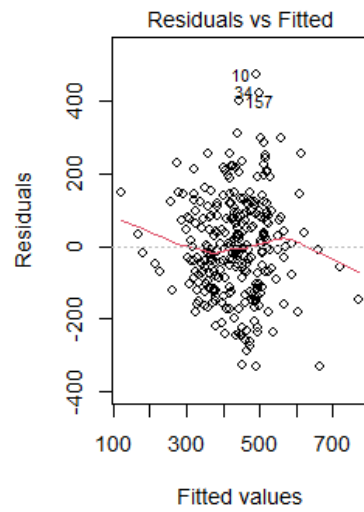
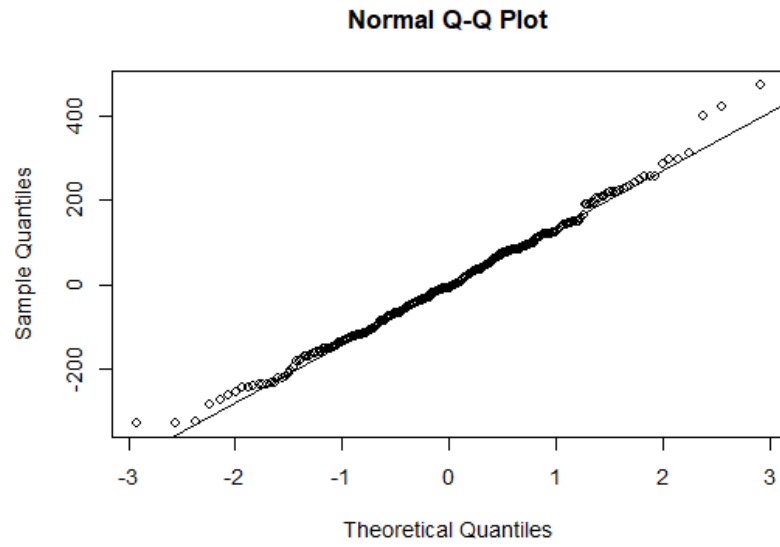
> #
> #EVALUACION GRAFICA DE NORMALIDAD DE RESIDUOS DEL MODELO
> #
> qqnorm(MODEL01$residuals)
> qqline(MODEL01$residuals)
> par(mfrow = c(1,2))
> plot(MODEL01, which = 1:4)
<Enter> para ver el próximo gráfico: #
<Enter> para ver el próximo gráfico: #normalidad de residuos
> library(nortest)
> prueba_KS<-lillie.test(MODEL01$residuals)
> prueba_KS

```

Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test

data: MODEL01\$residuals
D = 0.030562, p-value = 0.757





Anexo 10. Líneas de comando para el análisis de varianza de “filo Bacteroidota”

SCRIPT

```
> setwd("D:/Informe de tesis/DATOS MICROBIOLOGIA")
DATOS<-read.csv('DATA_FILO.csv', sep = ";", header = T)
str(DATOS)
DATOS$EDAD <- as.factor(DATOS$EDAD)
#
# GENERAR SUB CONUNTOS PARA EDAD
EDAD1<-subset(DATOS, EDAD == "1")
EDAD7<-subset(DATOS, EDAD == "7")
EDAD10<-subset(DATOS, EDAD == "10")
EDAD14<-subset(DATOS, EDAD == "14")
EDAD21<-subset(DATOS, EDAD == "21")
EDAD116<-subset(DATOS, EDAD == "116")
#
#VARIABLE RESPUESTA VR1
VR <- DATOS$ACOS_BAC
VRA <- DATOS$BACTEROIDOTA
# VARIABLES POR GRUPOS
VR1 <- EDAD1$ACOS_BAC
VR2 <- EDAD7$ACOS_BAC
VR3 <- EDAD10$ACOS_BAC
VR4 <- EDAD14$ACOS_BAC
VR5 <- EDAD21$ACOS_BAC
VR6 <- EDAD116$ACOS_BAC
#
#
library(car)
library(emmeans)
library(psych)
#
#PRUEBA DE NORMALIDAD
boxplot(VR~DATOS$EDAD)
#
#PRUEBA DE NORMALIDAD S_W
shapiro.test(VR1)
shapiro.test(VR2)
shapiro.test(VR3)
shapiro.test(VR4)
shapiro.test(VR5)
shapiro.test(VR6)
#
# PRUEBAS DE HOMOGENEIDAD DE VARIANZA "FLIGNER-KIILLEN; LEVENNE Y BARTLETT"
#
fligner.test(x = list(VR1,VR2,VR3,VR4, VR5, VR6))
leveneTest(VR ~ DATOS$EDAD ,center = "median")
#
bartlett.test(VR ~ DATOS$EDAD)
#
# MODELO USADO
MODELO1 <- aov(VR ~ DATOS$EDAD)
summary.lm(MODELO1)
#
#ANALISIS DE VARIANZA
anova(MODELO1)
# COMAPRACION DE MEDIAS GENERAL
TukeyHSD(MODELO1)
##
#PRUEBA DE TUKEY usando libreria agricola
library(agricolae)
outhSD1 <-HSD.test(MODELO1, "DATOS$EDAD",console=TRUE)
#
#EVALUACION GRAFICA DE NORMALIDAD DE RESIDUOS DEL MODELO
#
qqnorm(MODELO1$residuals)
```

```

qqline(MODELO1$residuals)
par(mfrow = c(1,2))
plot(MODELO1, which = 1:4)
#
#
#normalidad de residuos
prueba_SW<-shapiro.test(MODELO1$residuals)
prueba_SW
#
# MODELO para extraccion de datos para tabla
MODELO2 <- aov(VRA ~ DATOS$EDAD)
summary.lm(MODELO2)
anova(MODELO2)
outhSD2 <-HSD.test(MODELO2, "DATOS$EDAD",console=TRUE)
#
#COMPARACION DE MEDIAS funcion LSMEANS USANDO PAQUETE EMMEANS
#
# ELABORACION DE GRILLA
VR.rg = ref_grid(MODELO2)
#
# COMPARACION ENTRE LINEAS
VR.RG.EMM.EDAD = emmeans(VR.rg,"EDAD")
summary(VR.RG.EMM.EDAD)
contrast(VR.RG.EMM.EDAD,"pairwise")
plot(VR.RG.EMM.EDAD, col="blue")
RESPUESTA
setwd("D:/Informe de tesis/DATOS MICROBIOLOGIA")
> DATOS<-read.csv('DATA_FILO.csv', sep = ";", header = T)
> str(DATOS)
'data.frame': 24 obs. of  11 variables:
 $ COD_EMP      : chr  "H10" "H19" "H24" "H3" ...
 $ EDAD         : int   1 1 1 1 7 7 7 7 10 10 ...
 $ ID_UP        : chr   "3L39" "3T100" "4EN1" "3N4" ...
 $ ACOS_BAC     : num   1.05 1.06 1.39 1.22 1.29 1.27 1.21 1.42 1.49 1.22 ...
 $ BACTEROIDOTA : num   49.4 49.1 18.3 34.3 27.4 ...
 $ ACOS_FIR     : num   1.42 1.41 1.41 1.41 1.5 1.38 1.45 1.37 1.41 1.35 ...
 $ FIRMICUTES   : num   14.78 16.16 15.59 16.46 6.82 ...
 $ ACOS_VER     : num   1.53 1.5 1.4 1.53 1.35 1.57 1.47 1.49 1.5 1.43 ...
 $ VERRUCOMICROBIOTA: num   4.11 7.37 16.86 3.77 22.15 ...
 $ ACOS_EUR     : num   1.57 1.51 1.55 1.54 1.48 1.57 1.55 1.54 1.51 1.56 ...
 $ EURYARCHAEOTA : num    0 5.7 2.05 3.5 9.09 0.22 1.76 3.13 5.73 1.48 ...
> DATOS$EDAD <- as.factor(DATOS$EDAD)
> # GENERAR SUB CONUNTOS PARA TEMPERATURA PARA NALSIS DE NORMALIDAD Y
HOMOGENIDAD DE VARIANZA
> EDAD1<-subset(DATOS, EDAD == "1")
> EDAD7<-subset(DATOS, EDAD == "7")
> EDAD10<-subset(DATOS, EDAD == "10")
> EDAD14<-subset(DATOS, EDAD == "14")
> EDAD21<-subset(DATOS, EDAD == "21")
> EDAD116<-subset(DATOS, EDAD == "116")
> #
> #VARIABLE RESPUESTA VR1 =
> VR <- DATOS$ACOS_BAC
> VRA <- DATOS$BACTEROIDOTA
> # VARIABLES PARA SUBGRUPOS POR TEMPERATURA
> VR1 <- EDAD1$ACOS_BAC
> VR2 <- EDAD7$ACOS_BAC
> VR3 <- EDAD10$ACOS_BAC
> VR4 <- EDAD14$ACOS_BAC
> VR5 <- EDAD21$ACOS_BAC
> VR6 <- EDAD116$ACOS_BAC
> #
> #
> library(car)
> library(emmeans)
> library(psych)
> #
> #PRUEBA DE NORMALIDAD

```

```

> boxplot(VR~DATOS$EDAD)
> #
> #PRUEBA DE NORMALIDAD S_W
> shapiro.test(VR1)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR1
W = 0.87984, p-value = 0.3379

> shapiro.test(VR2)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR2
W = 0.9287, p-value = 0.5868

> shapiro.test(VR3)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR3
W = 0.8382, p-value = 0.1902

> shapiro.test(VR4)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR4
W = 0.97284, p-value = 0.859

> shapiro.test(VR5)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR5
W = 0.86337, p-value = 0.2725

> shapiro.test(VR6)

      Shapiro-Wilk normality test

data:  VR6
W = 0.97973, p-value = 0.9004

> #
> # PRUEBAS DE HOMOGENEIDAD DE VARIANZA "FLIGNER-KIILLEN; LEVENNE Y BARTLETT"
> #
> fligner.test(x = list(VR1,VR2,VR3,VR4, VR5, VR6))

      Fligner-Killeen test of homogeneity of variances

data:  list(VR1, VR2, VR3, VR4, VR5, VR6)
Fligner-Killeen:med chi-squared = 10.457, df = 5, p-value = 0.06328

> leveneTest(VR ~ DATOS$EDAD ,center = "median")
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = "median")
      Df F value Pr(>F)
group  5  1.8407 0.1555
      18

> #
> bartlett.test(VR ~ DATOS$EDAD)

      Bartlett test of homogeneity of variances

data:  VR by DATOS$EDAD
Bartlett's K-squared = 11.952, df = 5, p-value = 0.03545

```

```

> #
> # MODELO USADO
> MODELO1 <- aov(VR ~ DATOS$EDAD)
> summary.lm(MODELO1)

Call:
aov(formula = VR ~ DATOS$EDAD)

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-0.18500 -0.03000 -0.00125  0.04250  0.21000

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)    1.18000    0.04998   23.611 5.39e-15 ***
DATOS$EDAD7     0.11750    0.07068    1.663  0.11373
DATOS$EDAD10    0.22500    0.07068    3.184  0.00515 **
DATOS$EDAD14    0.22750    0.07068    3.219  0.00476 **
DATOS$EDAD21    0.15500    0.07068    2.193  0.04168 *
DATOS$EDAD116   0.18750    0.07068    2.653  0.01619 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 0.09995 on 18 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.4487,    Adjusted R-squared:  0.2956
F-statistic: 2.93 on 5 and 18 DF,  p-value: 0.04164

> #
> #ANALISIS DE VARIANZA
> anova(MODELO1)
Analysis of Variance Table

Response: VR
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
DATOS$EDAD  5 0.14637  0.0292742   2.9303 0.04164 *
Residuals  18 0.17983  0.0099903
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> # COMAPRACION DE MEDIAS GENERAL
> TukeyHSD(MODELO1)
  Tukey multiple comparisons of means
    95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = VR ~ DATOS$EDAD)

$`DATOS$EDAD`
      diff          lwr          upr        p adj
7-1      0.1175 -0.1071117379  0.3421117 0.5711993
10-1     0.2250  0.0003882621  0.4496117 0.0494599
14-1     0.2275  0.0028882621  0.4521117 0.0461105
21-1     0.1550 -0.0696117379  0.3796117 0.2879543
116-1    0.1875 -0.0371117379  0.4121117 0.1346980
10-7     0.1075 -0.1171117379  0.3321117 0.6561129
14-7     0.1100 -0.1146117379  0.3346117 0.6349855
21-7     0.0375 -0.1871117379  0.2621117 0.9941186
116-7    0.0700 -0.1546117379  0.2946117 0.9151110
14-10    0.0025 -0.2221117379  0.2271117 1.0000000
21-10   -0.0700 -0.2946117379  0.1546117 0.9151110
116-10  -0.0375 -0.2621117379  0.1871117 0.9941186
21-14   -0.0725 -0.2971117379  0.1521117 0.9031345
116-14  -0.0400 -0.2646117379  0.1846117 0.9920894
116-21   0.0325 -0.1921117379  0.2571117 0.9969833

> ##
> #PRUEBA DE TUKEY usando libreria agricola
> library(agricolae)
> outhSD1 <-HSD.test(MODELO1, "DATOS$EDAD",console=TRUE)

```

Study: MODEL01 ~ "DATOS\$EDAD"

HSD Test for VR

Mean Square Error: 0.009990278

DATOS\$EDAD, means

	VR	std	r	se	Min	Max	Q25	Q50	Q75
1	1.1800	0.16020820	4	0.04997569	1.05	1.39	1.0575	1.140	1.2625
10	1.4050	0.12974334	4	0.04997569	1.22	1.50	1.3625	1.450	1.4925
116	1.3675	0.03304038	4	0.04997569	1.33	1.41	1.3525	1.365	1.3800
14	1.4075	0.09032349	4	0.04997569	1.29	1.50	1.3650	1.420	1.4625
21	1.3350	0.01914854	4	0.04997569	1.31	1.35	1.3250	1.340	1.3500
7	1.2975	0.08845903	4	0.04997569	1.21	1.42	1.2550	1.280	1.3225

Alpha: 0.05 ; DF Error: 18

Critical Value of Studentized Range: 4.49442

Minimun Significant Difference: 0.2246117

Treatments with the same letter are not significantly different.

```
VR groups
14 1.4075 a
10 1.4050 a
116 1.3675 ab
21 1.3350 ab
7 1.2975 ab
1 1.1800 b
> #
> #EVALUACION GRAFICA DE NORMALIDAD DE RESIDUOS DEL MODELO
> #
> qqnorm(MODEL01$residuals)
> qqline(MODEL01$residuals)
> par(mfrow = c(1,2))
> plot(MODEL01, which = 1:4)
<Enter> para ver el próximo gráfico: #
<Enter> para ver el próximo gráfico: #
> #normalidad de residuos
> prueba_SW<-shapiro.test(MODEL01$residuals)
> prueba_SW
```

Shapiro-Wilk normality test

```
data: MODEL01$residuals
W = 0.97284, p-value = 0.737
```

```
> #
> # MODELO para extraccion de datos para tabla
> MODEL02 <- aov(VRA ~ DATOS$EDAD)
> summary.lm(MODEL02)
```

```
Call:
aov(formula = VRA ~ DATOS$EDAD)
```

```
Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-19.4500  -4.3806   0.2725   2.6181  18.0650
```

```
Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)    37.790     4.784   7.898 2.94e-07 ***
DATOS$EDAD7    -10.905     6.766  -1.612  0.12443
DATOS$EDAD10   -21.235     6.766  -3.138  0.00568 **
DATOS$EDAD14   -21.755     6.766  -3.215  0.00480 **
DATOS$EDAD21   -14.518     6.766  -2.146  0.04580 *
DATOS$EDAD116  -17.848     6.766  -2.638  0.01672 *
```

```

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 9.569 on 18 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.4464,    Adjusted R-squared:  0.2926 
F-statistic: 2.903 on 5 and 18 DF,  p-value: 0.04296

> anova(MODEL02)
Analysis of Variance Table

Response: VRA
      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)    
DATOS$EDAD  5 1329.1  265.827   2.9031 0.04296 * 
Residuals  18 1648.2   91.565                
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> outHSD2 <-HSD.test(MODEL02, "DATOS$EDAD",console=TRUE)

Study: MODEL02 ~ "DATOS$EDAD"

HSD Test for VRA

Mean Square Error:  91.56533

DATOS$EDAD, means

      VRA      std r      se   Min   Max    Q25    Q50    Q75
1  37.7900 14.747596 4 4.784489 18.34 49.42 30.3400 41.700 49.1500
10 16.5550 12.723135 4 4.784489  7.09 34.62  7.9300 12.255 20.8800
116 19.9425  3.250665 4 4.784489 15.58 23.41 18.9250 20.390 21.4075
14  16.0350  9.166004 4 4.784489  6.62 27.85 10.3550 14.835 20.5150
21  23.2725  1.810661 4 4.784489 21.42 25.59 22.1250 23.040 24.1875
7   26.8850  8.494777 4 4.784489 15.31 35.65 24.3475 28.290 30.8275

Alpha: 0.05 ; DF Error: 18
Critical Value of Studentized Range: 4.49442

Minimun Significant Difference: 21.5035

Treatments with the same letter are not significantly different.

      VRA groups
1  37.7900      a
7  26.8850     ab
21 23.2725     ab
116 19.9425     ab
10 16.5550     ab
14 16.0350      b
> #
> #COMPARACION DE MEDIAS funcion LSMEANS USANDO PAQUETE EMMEANS
> #
> # ELABORACION DE GRILLA
> VR.rg = ref_grid(MODEL02)
> #
> # COMPARACION ENTRE LINEAS
> VR.RG.EMM.EDAD = emmeans(VR.rg,"EDAD")
> summary(VR.RG.EMM.EDAD)
  EDAD emmean   SE df lower.CL upper.CL
1     37.8 4.78 18    27.74    47.8
7     26.9 4.78 18    16.83    36.9
10    16.6 4.78 18     6.50    26.6
14    16.0 4.78 18     5.98    26.1
21    23.3 4.78 18    13.22    33.3
116    19.9 4.78 18     9.89    30.0

Confidence level used: 0.95
> contrast(VR.RG.EMM.EDAD,"pairwise")
  contrast      estimate    SE df t.ratio p.value

```

EDAD1 - EDAD7	10.90	6.77	18	1.612	0.6018
EDAD1 - EDAD10	21.23	6.77	18	3.138	0.0541
EDAD1 - EDAD14	21.75	6.77	18	3.215	0.0465
EDAD1 - EDAD21	14.52	6.77	18	2.146	0.3091
EDAD1 - EDAD116	17.85	6.77	18	2.638	0.1384
EDAD7 - EDAD10	10.33	6.77	18	1.527	0.6527
EDAD7 - EDAD14	10.85	6.77	18	1.604	0.6067
EDAD7 - EDAD21	3.61	6.77	18	0.534	0.9939
EDAD7 - EDAD116	6.94	6.77	18	1.026	0.9031
EDAD10 - EDAD14	0.52	6.77	18	0.077	1.0000
EDAD10 - EDAD21	-6.72	6.77	18	-0.993	0.9143
EDAD10 - EDAD116	-3.39	6.77	18	-0.501	0.9955
EDAD14 - EDAD21	-7.24	6.77	18	-1.070	0.8870
EDAD14 - EDAD116	-3.91	6.77	18	-0.577	0.9913
EDAD21 - EDAD116	3.33	6.77	18	0.492	0.9959

P value adjustment: tukey method for comparing a family of 6 estimates
 > plot(VR.RG.EMM.EDAD, col="blue")

