

Accepted Manuscript / Manuscrito Aceptado

Title Paper/Título del artículo:

Revelando la microbiota en las heces del gecko doméstico (*Hemidactylus frenatus*)

Unveiling the microbiota in the feces of the house gecko (*Hemidactylus frenatus*)

Authors/Autores: Garza González, D.A., Cáceres Farfán, M.R., O'Connor Sánchez, A.

ID: e2161

DOI: <https://doi.org/10.15741/revbio.13.e2161>

Received/Fecha de recepción: January 20th 2026

Accepted /Fecha de aceptación: August 17th 2026

Available online/Fecha de publicación: September 24th 2026

Please cite this article as/Como citar este artículo: Garza González, D.A., Cáceres Farfán, M.R., O'Connor Sánchez, A. (2026). Unveiling the microbiota in the feces of the house gecko (*Hemidactylus frenatus*). *Revista Bio Ciencias*, 13, e2161. <https://doi.org/10.15741/revbio.13.e2161>

This is a PDF file of an unedited manuscript that has been accepted for publication. As a service to our customers we are providing this early version of the manuscript. The manuscript will undergo copyediting, typesetting, and review of the resulting proof before it is published in its final form. Please note that during the production process errors may be discovered which could affect the content, and all legal disclaimers that apply to the journal pertain.

Este archivo PDF es un manuscrito no editado que ha sido aceptado para publicación. Esto es parte de un servicio de Revista Bio Ciencias para proveer a los autores de una versión rápida del manuscrito. Sin embargo, el manuscrito ingresará a proceso de edición y corrección de estilo antes de publicar la versión final. Por favor note que la versión actual puede contener errores de forma.

Artículo original/ Original article

Revelando la microbiota en las heces del gecko doméstico (*Hemidactylus frenatus*)

Unveiling the microbiota in the feces of the house gecko (*Hemidactylus frenatus*)

Microbiota en las heces de geckos /

Microbiota in gecko feces

Garza González, D.A. (ORCID: 0000-0002-8920-184X), Cáceres Farfán, M.R. (ORCID: 0000-0002-6366-7561), O'Connor Sánchez, A.* (ORCID: 0000-0001-9095-1173)

Unidad de Biotecnología, Centro de Investigación Científica de Yucatán A.C., 97205 Mérida, Yucatán, México.

***Corresponding Author:**

Aileen O'Connor-Sánchez. Unidad de Biotecnología, Centro de Investigación Científica de Yucatán A.C., Calle 43 #130, Chuburná de Hidalgo, CP 97205 Mérida, Yucatán, México. Teléfono: (999) 942 83 30. E-mail: aiocsa2510@gmail.com

RESUMEN

El gecko doméstico es un reptil que habita ambientes interiores ocupados por seres humanos y se distribuye ampliamente por las regiones tropicales y subtropicales del mundo. Hay una preocupación por un posible riesgo zoonótico que surge debido a que los geckos se desplazan fácilmente por paredes y techos, y sus heces suelen depositarse en entornos domésticos. Se sospecha que estos excrementos albergan bacterias patógenas para los seres humanos. En este estudio, se caracterizaron las comunidades bacterianas presentes en las heces de geckos mediante la secuenciación de amplicones del gen 16S del rRNA. Las comunidades mostraron una riqueza relativamente baja, con solo 25 taxa núcleo. Estos taxa, que también se encontraron entre los más abundantes en todas las comunidades, han sido descritos como comensales que habitan en el intestino de otros animales y seres humanos y son anaeróbicos. Es importante destacar que ninguno de los taxa dominantes pertenece a géneros que se asocian habitualmente con los principales patógenos humanos.

PALABRAS CLAVE:

Comunidad microbiana, Ecología microbiana, Gen 16S rRNA, Lagartijas caseras, Microbiota de reptiles, Microbiota fecal, Secuenciación de amplicones, Reptil sinantrópico, Riesgo microbiológico.

ABSTRACT

The house gecko is a reptile that inhabits indoor environments occupied by humans and is widely distributed across tropical and subtropical regions worldwide. Concerns regarding zoonotic risk arise because geckos readily move across walls and ceilings, and their feces are often deposited in

domestic environments. These droppings are suspected of harboring bacteria pathogenic to humans. In this study, bacterial communities in gecko feces were characterized using 16S rRNA gene amplicon sequencing. The communities displayed relatively low OTUs richness, with only 25 core taxa. These taxa, which were also among the most abundant across all communities, have been reported as commensals inhabiting the gut of other animals and humans and are anaerobic. Importantly, none of the dominant taxa belonged to genera commonly associated with major human pathogens.

KEY WORDS:

16S rRNA gene, Amplicon sequencing, Domestic lizards, Fecal microbiota, Microbial community, Microbial ecology, Microbiological risk, Reptile microbiota, Synanthropic reptile.

Introducción

El gecko doméstico (*Hemidactylus frenatus* Schegel, 1836) es un reptil perteneciente a la familia Gekkonidae (Figura 1A). Se encuentra ampliamente distribuido en las regiones tropicales y subtropicales de todo el mundo (Uetz *et al.*, 2025) habitando comúnmente ambientes interiores ocupados por humanos, como viviendas, oficinas, escuelas y comercios. En la Península de Yucatán (Figura 1B), constituye una especie particularmente familiar, no solo por su frecuente presencia en entornos domésticos, sino también por su notable capacidad para trepar y desplazarse sobre paredes y techos (Schultz *et al.*, 2023). Recientemente, ha despertado interés científico debido a su capacidad para regenerar la cola tras la autotomía como mecanismo de defensa frente a la depredación (Nagumantri *et al.*, 2021), lo que lo convierte en un organismo modelo prometedor para investigaciones sobre regeneración de extremidades.

La opinión pública respecto a la presencia de geckos en el interior de las viviendas se encuentra dividida. Por un lado, estos reptiles son ampliamente apreciados por alimentarse de insectos y arácnidos, por lo que se consideran beneficiosos para el control de poblaciones de artrópodos domésticos. Por otro lado, se han planteado preocupaciones en torno a su potencial riesgo microbiano, ya que los geckos se desplazan libremente sobre superficies verticales y techos, por lo que pueden defecar prácticamente sobre cualquier superficie, incluidas cocinas, dormitorios, pisos y mobiliario. En consecuencia, sus heces suelen encontrarse dispersas en distintos espacios del hogar. Estas excretas no solo pueden contener bacterias que forman parte de la microbiota intestinal del gecko, sino que también podrían actuar como sustratos para la proliferación de otros taxones bacterianos, así como para la acumulación de polvo y partículas que albergan una microbiota potencialmente distinta y aún no caracterizada.

Estudios previos han intentado caracterizar la microbiota presente en las heces y el tracto intestinal de los geckos. Algunos de ellos han identificado taxones bacterianos con potencial patogenicidad para los seres humanos, entre los que se incluyen *Klebsiella pneumoniae*, *Salmonella indica*, *Enterobacter gergoviae* (Singh *et al.*, 2013), *Salmonella Virchow* y *Salmonella Weltevreden* (Callaway *et al.*, 2011). Sin embargo, todos los estudios publicados hasta la fecha se han basado en métodos dependientes de cultivo, los cuales son conocidos por introducir sesgos considerables, dado que la mayoría de los taxones bacterianos no pueden cultivarse mediante medios convencionales. Por consiguiente, existe una clara necesidad de desarrollar estudios que empleen técnicas de vanguardia independientes de cultivo, con el fin de caracterizar con mayor precisión la composición y diversidad de las comunidades bacterianas presentes en las heces de geckos.

El objetivo del presente estudio fue caracterizar las comunidades bacterianas presentes en las heces de *Hemidactylus frenatus* recolectadas en ambientes domésticos de la Península de Yucatán, mediante secuenciación de amplicones del gen ARNr 16S. Se planteó la hipótesis de que las muestras fecales incluirían un conjunto central de OTUs compartidas entre la mayoría de los individuos (probablemente derivadas de la microbiota intestinal de los geckos), junto con una fracción altamente variable asociada a aportes ambientales. Adicionalmente, se anticipó que algunas de las

OTUs compartidas pertenecerían a taxones relacionados con patógenos humanos, tal como ha sido reportado previamente en estudios de heces de geckos basados en métodos de cultivo.

Material y Métodos

Colecta de heces de gecko

La colecta de muestras se llevó a cabo entre septiembre y octubre de 2023. En total, se analizaron nueve excretas de *Hemidactylus frenatus*, cada una recolectada en una vivienda distinta de Mérida, Yucatán, México (20°58'31.3" N, 89°37'38.18" O). El clima de esta región se clasifica como "cálido subhúmedo con lluvias en verano (Aw0)" de acuerdo con el sistema de Köppen, modificado por García (1973).

Algunas muestras fueron encontradas adheridas a paredes, mientras que otras se localizaron sobre mobiliario, ropa o el suelo. Todas las muestras fueron recolectadas utilizando materiales esterilizados, así como guantes y mascarillas, con el fin de minimizar el riesgo de contaminación. Con ayuda de palillos esterilizados, las excretas fueron transferidas a tubos Eppendorf y transportadas en hielo al laboratorio, donde se almacenaron en refrigeración durante un periodo no mayor a tres días antes de su procesamiento. Los depósitos blancos de ácido úrico típicamente adheridos a las heces fueron retirados antes de la recolección. Previo al procesamiento, cada muestra fue examinada bajo un estereomicroscopio para confirmar su morfología característica.

Extracción de ADN y secuenciación

El ADN metagenómico fue extraído de cada muestra individual mediante el método CTAB (Doyle & Doyle, 1987). La integridad del ADN se evaluó mediante electroforesis en gel de agarosa al 0.8 %, mientras que su concentración y pureza se determinaron utilizando un espectrofotómetro UV-Vis NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, Wilmington, DE, EE. UU.). Posteriormente, el ADN purificado fue enviado al laboratorio Research and Testing Laboratory (RTL-Genomics) para la secuenciación de amplicones mediante la plataforma MiSeq paired-end 2×300 (Illumina). La amplificación se llevó a cabo utilizando el par de cebadores 515F (GTGCCAGCMGCCGCGGTAA) y 806R (GGACTACHVGGGGGTWTCTAAT), dirigidos a la región variable V4 del gen ARNr 16S.

Bioinformática y análisis de datos

Los análisis de las secuencias se realizaron utilizando R 4.2.2 (R Core Team, 2023). Las secuencias paired-end crudas fueron importadas en DADA2 1.18 (Callahan *et al.*, 2016) para llevar a cabo los procesos de denoising, ensamblaje y eliminación de quimeras. Las lecturas con más de dos errores esperados ($\text{maxEE} = c(2,2)$) fueron descartadas. Los extremos de baja calidad fueron recortados con el fin de mantener una puntuación mínima de Phred ≥ 20 ($\text{truncLen} = c(250, 150)$). Posteriormente, las secuencias fueron ensambladas utilizando un solapamiento mínimo de 50 pb y agrupadas para la inferencia de ASVs mediante la función *dada* (*pool* = TRUE), con el propósito de lograr una detección más sensible de variantes.

La clasificación taxonómica se realizó utilizando el clasificador bayesiano ingenuo de RDP implementado en DADA2, empleando como referencia la base de datos SILVA v138.1 (Quast *et al.*, 2012) (*assignTaxonomy* [*minBoot* = 50]). Se eliminaron las secuencias correspondientes a cloroplastos y mitocondrias, conservándose únicamente aquellas clasificadas como bacterianas. Las muestras fueron posteriormente rarefactadas a 7,326 lecturas, correspondiente al menor número de lecturas obtenido entre las muestras.

Las secuencias fueron agrupadas en unidades taxonómicas operativas (OTUs) utilizando un umbral de disimilitud del 3 % para realizar los análisis subsecuentes. Las métricas de diversidad alfa (número observado de taxones, Chao1, equidad de Pielou y diversidad de Shannon) fueron calculadas utilizando el paquete VEGAN (Oksanen *et al.*, 2013). La diversidad filogenética de Faith fue estimada mediante el paquete Picante (Kembel *et al.*, 2010). La diversidad beta se evaluó a través de un análisis de agrupamiento jerárquico basado en disimilitudes de Bray–Curtis y enlace completo, implementado mediante el paquete VEGAN.

Números de accesión

Las secuencias y los datos generados en este proyecto fueron depositados en el "Sequence Read Archive" (SRA) de la base de datos del "National Center for Biotechnology Information" (NCBI) bajo el identificador BioProject: PRJNA1311044.

Resultados y Discusión

Aspecto general de las heces de gecko

El examen microscópico reveló la presencia de restos de insectos y arañas en todas las excretas de gecko analizadas, lo que confirmó tanto su apariencia característica como la naturaleza predominantemente basada en artrópodos de la dieta de estos reptiles (Figura 1C). No se observaron rasgos distintivos que sugirieran diferencias sustanciales entre las muestras. Cabe destacar que todas las muestras presentaron una consistencia altamente friable, lo que indica un bajo contenido de humedad.

Análisis general de las secuencias de amplicones 16S y métricas de diversidad

La secuenciación de amplicones 16S mediante la plataforma MiSeq generó un total de 90,779 secuencias de alta calidad (después del filtrado y ensamblaje). La elevada similitud entre el número observado y estimado de OTUs (Tabla 1) indica que la profundidad de secuenciación fue suficiente para capturar la gran mayoría de los taxones bacterianos presentes, lo que sugiere que el número de secuencias analizadas fue representativo de las comunidades bacterianas presentes en las heces de gecko.

Los valores de riqueza oscilaron entre 47 y 90 OTUs por muestra, con excepción de la muestra Poop 6 (Tabla 1). Estos valores son relativamente bajos y contrastan, por ejemplo, con la riqueza observada en heces humanas, las cuales suelen contener aproximadamente entre 500 y 800 OTUs (Vandeputte et al., 2016). Estos resultados sugieren que las heces de gecko albergan un número comparativamente reducido de OTUs bacterianas, probablemente debido a su bajo contenido de humedad.

Tabla 1. Métricas de diversidad alfa de las comunidades bacterianas presentes en heces de gecko doméstico. El número observado de OTUs, la riqueza, la equidad, la diversidad y la filodiversidad fueron analizadas con un umbral de disimilitud del 3% para cada muestra.

Muestra	#OTUs	Chao 1 $\pm$ ds	Equidad	Shannon	Filodiversidad
Poop 1	63	63 $\pm$ 0.16	0.63	2.62	11.3
Poop 2	58	58 $\pm$ 0.25	0.77	3.13	10.0
Poop 3	90	90 $\pm$ 0.08	0.79	3.57	16.8
Poop 4	75	75.3 $\pm$ 0.92	0.69	3.02	11.8
Poop 5	47	47 $\pm$ 0	0.72	2.79	9.2
Poop 6	26	26 $\pm$ 0	0.12	0.41	5.4
Poop 7	50	50 $\pm$ 0	0.72	2.85	8.2
Poop 8	55	55.5 $\pm$ 1.29	0.68	2.74	8.6
Poop 9	59	59 $\pm$ 0.49	0.68	2.80	11.8

Muestra, identificador de la muestra; #OTUs, número de unidades taxonómicas operativas observadas; Chao1, riqueza estimada; $\pm$ ds, desviación estándar; Equidad, índice de equidad de Pielou; Shannon (H'), índice de diversidad de Shannon; Filodiversidad, índice de diversidad filogenética de Faith.

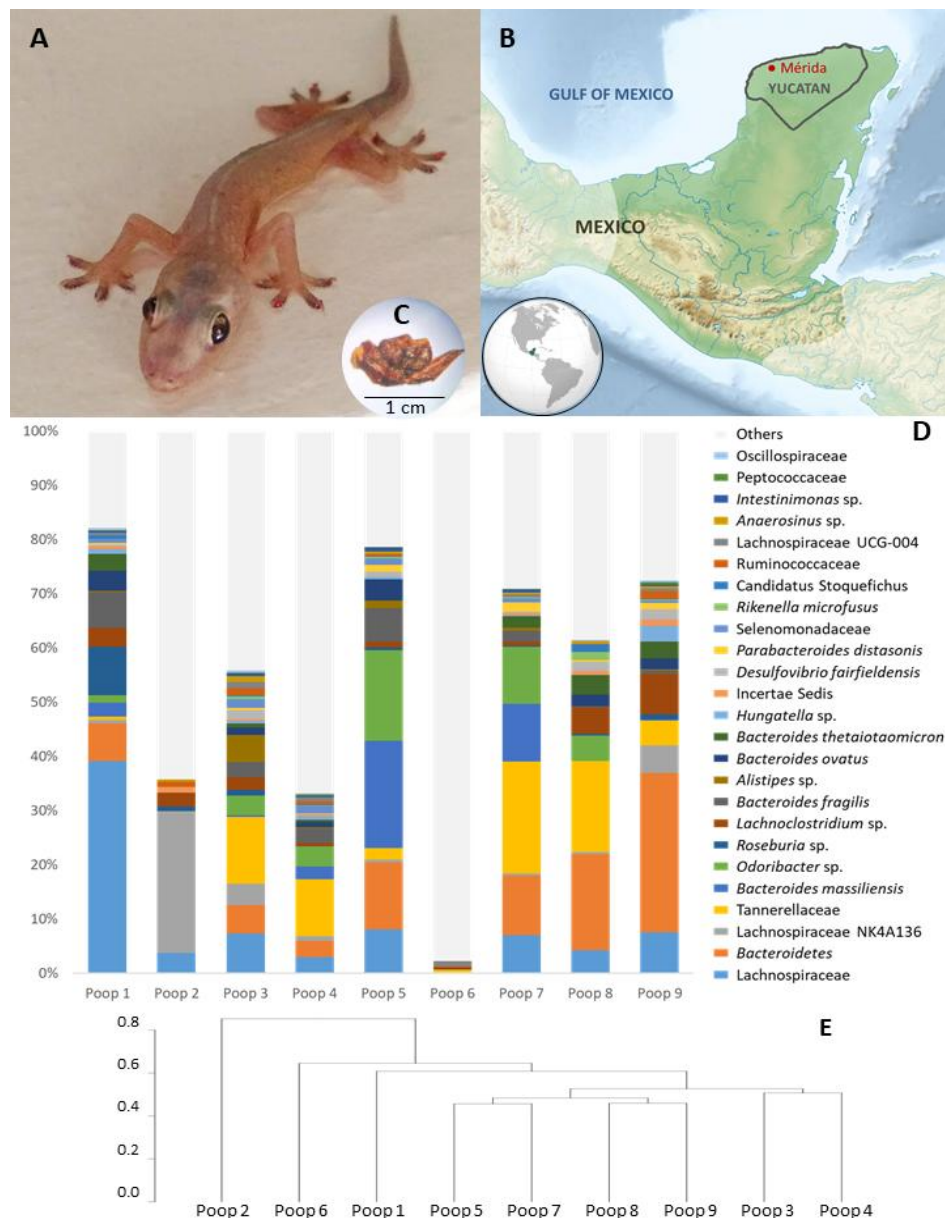


Figura 1. Imágenes relacionadas con el análisis de las comunidades bacterianas presentes en heces de gecko doméstico. A, fotografía de un gecko doméstico (*Hemidactylus frenatus*); B, mapa mostrando la localización aproximada de Mérida, Yucatán, México; C, fotografía de una excreta de gecko (obtenida mediante estereomicroscopía con aumento de 3X); D, estructura de las comunidades bacterianas presentes en las heces de gecko analizadas; E, dendrograma basado en el índice de disimilitud de Bray–Curtis que ilustra el agrupamiento de las comunidades bacterianas entre las excretas analizadas. La estructura comunitaria fue determinada a partir de abundancias relativas calculadas con un umbral de disimilitud del 3 % (nivel de especie). Únicamente los taxones nucleares fueron etiquetados de forma individual; todas las OTUs restantes fueron agrupadas bajo la categoría “Others”. Cuando no fue posible realizar la clasificación a nivel de especie, se indicó el nivel taxonómico más bajo resuelto.

En cuanto a la equidad, todas las muestras, excepto Poop 6, presentaron valores entre 0.63 y 0.79, lo que indica que las abundancias relativas de las OTUs fueron ampliamente similares entre las comunidades. Los índices de diversidad de Shannon variaron entre 2.62 y 3.57, nuevamente con excepción de Poop 6, la cual parece representar una muestra atípica. Con respecto a la diversidad filogenética de Faith, en general se observó una asociación positiva entre la riqueza de las muestras y la diversidad filogenética, lo que sugiere que las muestras con mayor riqueza no solo contenían un mayor número de OTUs, sino que estas pertenecían además a grupos filogenéticamente más distantes entre sí.

Composición y estructura de las comunidades bacterianas en las heces de gecko doméstico

Nuestros análisis revelaron un total de 221 OTUs bacterianas al considerar conjuntamente las nueve muestras (Tabla S1). Sin embargo, únicamente 25 de estas OTUs estuvieron presentes en al menos seis muestras fecales. Por lo tanto, estos taxones pueden considerarse como la microbiota nuclear de las heces de gecko, en el sentido de que ocurrieron en la gran mayoría de las muestras. La identificación de este conjunto central sugiere que ciertas OTUs bacterianas son considerablemente más prevalentes en las heces de gecko que otras.

Otro resultado destacable relacionado con la estructura comunitaria fue que las 25 OTUs nucleares no solamente fueron las detectadas con mayor frecuencia en las muestras fecales, sino también algunas de las más abundantes. En conjunto, representaron más del 50 % de la abundancia total en la mayoría de las comunidades (Figura 1D). Este patrón sugiere que dichos taxones probablemente se originan en el intestino de los geckos, donde podrían desempeñar funciones relacionadas con la fisiología del hospedero.

El caso de la muestra Poop6, en la que los taxones nucleares representaron únicamente alrededor del 2 % de la comunidad, no siguió el patrón estructural observado en las demás muestras. Esta desviación se debió a que esta muestra estuvo dominada por una sola OTU, cuya abundancia relativa superó el 93 %. Esto sugiere que, aunque la abundancia absoluta de los taxones centrales en la muestra Poop 6 probablemente fue comparable a la observada en las demás muestras, sus abundancias relativas fueron considerablemente menores. Esta observación sugiere que las heces de gecko pueden albergar ocasionalmente comunidades bacterianas marcadamente distintas, lo que pone de manifiesto la necesidad de ser cautelosos al realizar generalizaciones sobre su diversidad bacteriana.

Todos los 25 taxones nucleares identificados pudieron clasificarse hasta nivel de familia, 16 hasta nivel de género y únicamente 9 hasta nivel de especie (Figura 1D), lo que refleja la ausencia de secuencias suficientemente similares en las bases de datos de referencia actuales. Esto sugiere que la mayoría de las OTUs bacterianas presentes en las heces de gecko permanecen sin una resolución taxonómica adecuada en las bases de datos disponibles, probablemente debido al limitado estudio que hasta ahora ha recibido la microbiota intestinal de reptiles.

Con el fin de determinar el grado de disimilitud entre todas las comunidades fecales, considerando todas las OTUs presentes y no únicamente aquellas pertenecientes a su núcleo central, se construyó un dendrograma basado en distancias de Bray–Curtis (Figura 1E). El análisis mostró que ocho de las nueve comunidades presentaron un índice de disimilitud inferior a 0.6, mientras que seis de ellas exhibieron aproximadamente un 0.5 de similitud. Una posible explicación de por qué algunas muestras fecales albergan comunidades bacterianas más similares entre sí, mientras que otras son más distintas, es que las heces recién excretadas podrían poseer inicialmente perfiles microbianos más comparables, los cuales posteriormente divergirían con el tiempo en función de las condiciones ambientales específicas y del tiempo transcurrido desde la excreción. No obstante, esta interpretación constituye únicamente una hipótesis y requeriría investigaciones adicionales para ser evaluada.

Tabla 2. Características de los taxones bacterianos nucleares presentes en las heces de gecko.

Classification	Class	Habitat	Respiración	References
Lachnospiraceae	Clostridia	Gut of iguanas, tortoises and humans.	Anaerobic	Blair <i>et al.</i> , 2025; Dinsmoor <i>et al.</i> , 2021; Hong <i>et al.</i> , 2011
<i>Bacteroides</i>	Bacteroidia	Gut of amphibians, birds, reptiles, mammals and humans.	Anaerobic	Hoffbeck <i>et al.</i> , 2025; Zha <i>et al.</i> , 2025
Lachnospiraceae NK4A136	Clostridia	Gut of dogs, mice, piglets and humans.	Anaerobic	Chen <i>et al.</i> , 2025a; Cheng <i>et al.</i> , 2024a; Zhang <i>et al.</i> , 2025a; Zhi <i>et al.</i> , 2025
Tannerellaceae	Bacteroidia	Gut of mouse, rabbits and humans.	Anaerobic	Cheng <i>et al.</i> , 2024b; Feng <i>et al.</i> , 2022; Li <i>et al.</i> , 2024
<i>Bacteroides massillensis</i>	Bacteroidia	Gut of cattle, rats and humans.	Anaerobic	Chen <i>et al.</i> , 2024; Qi <i>et al.</i> , 2022; Ramos <i>et al.</i> , 2022
<i>Odoribacter</i>	Bacteroidia	Gut of crocodiles, lizards and humans.	Anaerobic	Li <i>et al.</i> , 2025a; Lin <i>et al.</i> , 2019; Zhang <i>et al.</i> , 2018
<i>Roseburia</i>	Clostridia	Gut of cattle, dogs, humans.	Anaerobic	David <i>et al.</i> , 2014; Morelli <i>et al.</i> , 2022; Zhang <i>et al.</i> , 2022
<i>Lachnoclostridium</i>	Clostridia	Gut of rats, snakes and humans.	Anaerobic	Mckirdy <i>et al.</i> , 2025; Peng <i>et al.</i> , 2024; Qin <i>et al.</i> , 2019
<i>Bacteroides fragilis</i>	Bacteroidia	Gut of dogs, frogs, lizards and humans.	Anaerobic	Evariste <i>et al.</i> , 2023; Portlock <i>et al.</i> , 2025; Reis <i>et al.</i> , 2014; Yang <i>et al.</i> , 2024
<i>Alistipes</i>	Bacteroidia	Gut of turtles, prairie dogs and humans.	Anaerobic	Neha 2023; Parker <i>et al.</i> , 2020; Tang <i>et al.</i> , 2025
<i>Bacteroides ovatus</i>	Bacteroidia	Gut of mice, rats and humans	Anaerobia	Li <i>et al.</i> , 2023; López-Santamarina <i>et al.</i> , 2025; Nie <i>et al.</i> , 2024
<i>Bacteroides thetaiotaomicron</i>	Bacteroidia	Gut of chicken, frogs and humans	Anaerobia	Amir <i>et al.</i> , 2023; Gibb <i>et al.</i> ; Wu <i>et al.</i> , 2025a
<i>Hungatella</i>	Clostridia	Gut of chickens, sows and humans.	Anaerobic	Kai <i>et al.</i> , 2024; Radjabzadeh <i>et al.</i> , 2022; Shi <i>et al.</i> , 2025
<i>Desulfovibrio fairfieldensis</i>	Deltaproteobacteria	Gut of mice, piglets and humans.	Anaerobic	Chen <i>et al.</i> , 2025b; Zhang <i>et al.</i> , 2025b; Zhou <i>et al.</i> , 2025
<i>Parabacteroides distasonis</i>	Bacteroidia	Gut of mice, calf and humans.	Anaerobic	Cortés-Martin <i>et al.</i> , 2025; Feng <i>et al.</i> , 2025; Zhao <i>et al.</i> , 2023
Selenomonadaceae	Negativicutes	Gut of chicken, dogs, pigs and humans.	Anaerobic	Belloumi <i>et al.</i> , 2024; Efremova <i>et al.</i> , 2024; Kim <i>et al.</i> , 2019; Talpur <i>et al.</i> , 2022
<i>Rikenella microfus</i>	Bacteroidia	Gut of chicken and humans.	Anaerobic	Pangga <i>et al.</i> , 2025; Zhang <i>et al.</i> , 2023
<i>Candidatus Stoquefichus</i>	Bacilli	Gut of hens, mouse and humans.	Anaerobic	Tremlett <i>et al.</i> , 2021; Wu <i>et al.</i> , 2025b; Zhou <i>et al.</i> , 2023
Ruminococcaceae	Clostridia	Gut of iguanas, lizards, turtles and humans.	Anaerobic	Baldo <i>et al.</i> , 2023; Hong <i>et al.</i> , 2011; Lan <i>et al.</i> , 2025; Luo <i>et al.</i> , 2023
Lachnospiraceae UCG-004	Clostridia	Gut of hamsters, monkeys, cattle and humans.	Anaerobic	He <i>et al.</i> , 2023; Jardon <i>et al.</i> , 2014; Olías-Molero <i>et al.</i> , 2022; Xi <i>et al.</i> , 2023
<i>Anaerosinus</i>	Negativicutes	Gut of humans.	Anaerobic	Lin <i>et al.</i> , 2018
<i>Intestinimonas</i>	Clostridia	Gut of horses, mouse and humans.	Anaerobic	Costa <i>et al.</i> , 2021; Driuchina <i>et al.</i> , 2025; Kläring <i>et al.</i> , 2013
Peptococcaceae	Clostridia	Gut of ostriches, mice and humans.	Anaerobic	Li <i>et al.</i> , 2023; Li <i>et al.</i> , 2025b; Videvall <i>et al.</i> , 2019
Oscillospiraceae	Clostridia	Gut of dogs, horses and humans	Anaerobic	Rostaher <i>et al.</i> , 2022; Rouskas <i>et al.</i> , 2025; Weinert-Nelson <i>et al.</i> , 2022

Classification, nivel taxonómico más bajo hasta el cual fue clasificada la OTU; Class, clase taxonómica a la que pertenece la OTU; Habitat, ejemplos de hábitats en los que los taxones han sido reportados; Respiración, tipo de respiración (aerobia/anaerobia).

Características relevantes de los linajes a los que pertenecen las OTUs bacterianas centrales presentes en las heces de gecko

La presencia de un grupo nuclear de 25 OTUs en las heces de gecko sugiere que estos taxones podrían tener una importancia particular, lo que justifica revisar sus características más relevantes y los hábitats donde han sido reportados.

Como se muestra en la Tabla 2, todos los taxones centrales identificados en las heces de gecko han sido previamente descritos como miembros típicos de la microbiota intestinal o fecal de animales y seres humanos, lo que indica que muy probablemente se originan en la propia microbiota intestinal de los geckos.

Sin embargo, es importante enfatizar que los taxones bacterianos detectados en las heces de gecko no son necesariamente idénticos a los encontrados en otros animales o en humanos. Existe evidencia creciente que respalda la teoría de la coevolución entre los hospederos y su microbiota intestinal (por ejemplo, Groussin *et al.* (2020)), lo que sugiere que, aunque las bacterias fecales de los geckos puedan pertenecer a los mismos linajes filogenéticos e incluso, en algunos casos, a los mismos taxones, podrían diferir a nivel de cepa. No obstante, lo que sí resulta claro es que todos los taxones identificados pertenecen a linajes comúnmente asociados con la microbiota intestinal de vertebrados.

También resulta destacable que todos los taxones que conforman la microbiota nuclear sean anaerobios, lo que sugiere que son incapaces de proliferar una vez que las heces han sido excretadas. En consecuencia, es probable que su abundancia disminuya progresivamente con el tiempo, aunque a distintas velocidades.

Con respecto a la microbiota no central, el hallazgo más relevante fue que ninguna de las OTUs identificadas perteneció a los géneros *Enterobacter*, *Klebsiella* o *Salmonella* (Tabla S1). Esta observación pone de manifiesto, por un lado, el valor del uso de métodos independientes de cultivo, ya que las técnicas basadas en cultivo pueden favorecer el sobrecrecimiento de taxones escasamente representados en la comunidad, al tiempo que no permiten el crecimiento de otros más abundantes (Nocker *et al.*, 2007). Por otro lado, estos resultados indican que las OTUs pertenecientes a dichos géneros no se encuentran típicamente presentes en las heces de gecko.

Otro resultado positivo fue la ausencia total, en todas las muestras analizadas, de los géneros *Campylobacter*, *Shigella*, *Vibrio* y *Yersinia*, los cuales incluyen conocidos patógenos humanos. Sin embargo, cabe señalar que algunos géneros que incluyen especies potencialmente patógenas, concretamente *Clostridium*, *Escherichia* y *Helicobacter* (Bao & Wu, 2024), fueron detectados en un número reducido de muestras dentro de los taxones no nucleares. Es importante enfatizar que la presencia de estos géneros no implica necesariamente patogenicidad, dado que incluyen tanto especies patógenas como no patógenas. Se requieren estudios adicionales para esclarecer esta distinción con mayor detalle. No obstante, el perfil microbiano general observado en las heces de gecko bajo las condiciones ambientales evaluadas sugiere un bajo riesgo potencial de transmisión de los principales patógenos bacterianos a los seres humanos.

Conclusiones

La riqueza taxonómica fue relativamente baja en todas las muestras analizadas, un patrón que podría estar relacionado con el bajo contenido de humedad de las heces de gecko. Veinticinco taxones bacterianos estuvieron presentes en la mayoría de las muestras y constituyeron la microbiota nuclear. Estos taxones no solo fueron los detectados con mayor frecuencia, sino también algunos de los más abundantes, lo que sugiere que muy probablemente se originan en el intestino de los geckos.

La mayoría de los taxones no pudieron resolverse a nivel de especie utilizando las bases de datos de referencia actuales, lo que probablemente refleja el limitado conocimiento existente sobre la microbiota intestinal de reptiles más que la presencia de especies verdaderamente novedosas.

El análisis de diversidad beta mostró que algunas muestras fueron más similares entre sí que otras, lo que podría reflejar diferencias en la exposición ambiental y en el tiempo transcurrido desde la defecación.

Todos los taxones centrales pertenecieron a linajes comúnmente asociados con la microbiota intestinal de vertebrados y fueron predominantemente anaerobios, lo que sugiere que podrían no persistir durante largos periodos una vez que las heces son depositadas en el ambiente.

Ninguno de los taxones dominantes perteneció a géneros comúnmente asociados con importantes patógenos humanos, aunque algunos taxones no nucleares incluyeron géneros que contienen especies potencialmente patógenas. Por lo tanto, aunque los resultados sugieren un bajo riesgo potencial bajo las condiciones analizadas, se requieren estudios adicionales con un mayor tamaño de muestra y una resolución taxonómica más alta.

Contribución de los autores

Conceptualización del trabajo: DAGG, AOS. Desarrollo metodológico: DAGG, MRCF, AOS. Uso de software: DAGG. Validación experimental: DAGG, AOS. Análisis de resultados: DAGG, MRCF, AOS. Gestión de datos: DAGG, MRCF, AOS. Redacción y preparación del manuscrito: AOS. Elaboración del borrador, revisión y edición: DAGG, MRCF, AOS. Administración del proyecto: AOS. Obtención de financiamiento: AOS. Todos los autores de este manuscrito han leído y aprobado la versión enviada.

Financiamiento

La investigación que dio origen a este manuscrito fue financiada por la beca CONAHCYT INFR2016 01-269833. Garza-González fue beneficiario de la beca doctoral CONAHCYT 800614.

Declaraciones éticas

Este estudio no requirió aprobación ética.

Declaración de consentimiento informado

La investigación realizada no involucró seres humanos.

Agradecimientos

Los autores desean agradecer a todas las personas que amablemente permitieron el acceso a sus hogares para la recolección de muestras fecales de geckos domésticos.

Conflicto de interés

Los autores declaran no tener conflicto de interés.

Referencias

Amir, S. E., Naeem, M., Boocock, D., Coveney, C., O'Neill, H. M., Bedford, M. R., & Burton, E. J. (2023). Xylo-oligosaccharide-based prebiotics upregulate the proteins of the Sus-like system in caecal *Bacteroidetes* of the chicken: Evidence of a stimbiotic mechanism. *Poultry Science*, 102(12), 103113. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2023.103113>

Baldo, L., Tavecchia, G., Rotger, A., Igual, J. M., & Riera, J. L. (2023). Insular holobionts: Persistence and seasonal plasticity of the Balearic wall lizard (*Podarcis lilfordi*) gut microbiota. *PeerJ*, 11, e14511. <https://doi.org/10.7717/peerj.14511>

Bao, X., & Wu, J. (2024). Natural anti-adhesive components against pathogenic bacterial adhesion and infection in the gastrointestinal tract: Case studies of *Helicobacter pylori*, *Salmonella enterica*, *Clostridium difficile*, and diarrheagenic *Escherichia coli*. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*. Advance online publication. <https://doi.org/10.1080/10408398.2024.2436139>

Belloumi, D., García-Rebollar, P., Calvet, S., Francino, M. P., Reyes-Prieto, M., González-Garrido, J., Piquer, L., Jiménez-Belenguer, A. I., Bermejo, A., Cano, C., & Cerisuelo, A. (2024). Impact of including two types of destoned olive cakes in pigs' diets on fecal bacterial composition and the relationship with feed efficiency, gut fermentation, and gaseous emissions. *Frontiers in Microbiology*, 15, 1359670. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1359670>

Blair, E. M., Margalith, N. J., & O'Malley, M. A. (2025). Microbial enrichments contribute to characterization of desert tortoise gut microbiota. *Microbial Ecology*, 88(1), 66. <https://doi.org/10.1007/s00248-025-02557-6>

Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, 13(7), 581–583. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3869>

Callaway, Z., Thomas, A., Melrose, W., Buttner, P., & Speare, R. (2011). *Salmonella virchow* and *Salmonella weltevreden* in a random survey of the Asian house gecko (*Hemidactylus frenatus*) in houses in northern Australia. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 11(6), 621–625. <https://doi.org/10.1089/vbz.2010.0015>

Chen, J., Wang, Y., Wang, K., Mei, Z., & Wang, L. (2025a). Exploring the axis of gut microbiota–inflammatory cytokine–atrial fibrillation in the pathogenesis of atrial fibrillation. *Journal of Cellular and Molecular Medicine*, 29(3), e70379. <https://doi.org/10.1111/jcmm.70379>

Chen, R., Chai, X., Zhang, Y., Zhou, T., Xia, Y., Jiang, X., Lv, B., Zhang, J., Zhou, L., Tian, X., Wang, R., Mao, L., Zhao, F., Zhang, H., Hu, J., Qiu, J., Zou, Z., & Chen, C. (2025b). Novel role of FTO in regulation of gut–brain communication via *Desulfovibrio fairfieldensis*-produced hydrogen sulfide under arsenic exposure. *Gut Microbes*, 17(1), 2438471. <https://doi.org/10.1080/19490976.2024.2438471>

Chen, S., Chen, W., Wang, X., & Liu, S. (2024). Mendelian randomization analyses support causal relationships between gut microbiome and longevity. *Journal of Translational Medicine*, 22(1), 1032. <https://doi.org/10.1186/s12967-024-05823-2>

Cheng, G., Hu, T., Zeng, Y., Yan, L., Liu, Y., Wang, Y., Xia, J., Dong, H., Chen, D., Cheng, T., Peng, G., & Zhang, L. (2024a). Enhancing immune response, antioxidant capacity, and gut health in growing beagles through a chitooligosaccharide diet. *Frontiers in Veterinary Science*, 10, 1283248. <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1283248>

Cheng, M., Jia, X., Ren, L., Chen, S., Wang, W., Wang, J., & Cong, B. (2024b). Region-specific effects of metformin on gut microbiome and metabolome in a high-fat diet-induced type 2 diabetes mouse model. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(13), 7250. <https://doi.org/10.3390/ijms25137250>

Cortés-Martín, A., Buttner, C., Maier, J. L., Tobin, C. A., Draper, L. A., Ross, R. P., Kleiner, M., Hill, C., & Shkoporov, A. N. (2025). Adaptations in gut *Bacteroidales* facilitate stable co-existence with their lytic bacteriophages. *Gut Microbes*, 17(1), 2507775. <https://doi.org/10.1080/19490976.2025.2507775>

Costa, M., Di Pietro, R., Bessegatto, J. A., Pereira, P. F. V., Stievani, F. C., Gomes, R. G., Lisbôa, J. A. N., & Weese, J. S. (2021). Evaluation of changes in microbiota after fecal microbiota transplantation in diarrheic horses. *Canadian Veterinary Journal*, 62(10), 1123–1130. PMID: 34602643; PMCID: PMC8439339.

David, L. A., Maurice, C. F., Carmody, R. N., Gootenberg, D. B., Button, J. E., Wolfe, B. E., Ling, A. V., Devlin, A. S., Varma, Y., Fischbach, M. A., Biddinger, S. B., Dutton, R. J., & Turnbaugh, P. J. (2014). Diet rapidly and reproducibly alters the human gut microbiome. *Nature*, 505(7484), 559–563. <https://doi.org/10.1038/nature12820>

Dinsmoor, A. M., Aguilar-López, M., Khan, N. A., & Donovan, S. M. (2021). A systematic review of dietary influences on fecal microbiota composition and function among healthy humans 1–20 years of age. *Advances in Nutrition*, 12(5), 1734–1750.

<https://doi.org/10.1093/advances/nmab047>

Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19, 11–15.

Driuchina, A., Isola, V., Hulmi, J. J., Salmi, V. M., Hintikka, J., Ahtiainen, J. P., & Pekkala, S. (2025). Unveiling the impact of competition weight loss on gut microbiota: Alterations in diversity, composition, and predicted metabolic functions. *Journal of the International Society of Sports Nutrition*, 22(1), 2474561. <https://doi.org/10.1080/15502783.2025.2474561>

Efremova, I., Maslennikov, R., Medvedev, O., Kudryavtseva, A., Avdeeva, A., Krasnov, G., Romanikhin, F., Diatroptov, M., Fedorova, M., Poluektova, E., Levshina, A., & Ivashkin, V. (2024). Gut microbiota and biomarkers of intestinal barrier damage in cirrhosis. *Microorganisms*, 12(3), 463. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12030463>

García, E. (1973). *Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köppen (para adaptarlo a las condiciones de la República Mexicana)* (2.^a ed.). Instituto de Geografía, Universidad Nacional Autónoma de México.

Gibb, K., Schobben, X., & Christian, K. (2017). Frogs host faecal bacteria typically associated with humans. *Canadian Journal of Microbiology*, 63(7), 633–637.

<https://doi.org/10.1139/cjm-2017-0119>

Groussin, M., Mazel, F., & Alm, E. J. (2020). Co-evolution and co-speciation of host–gut bacteria systems. *Cell Host & Microbe*, 28(1), 12–22. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.06.013>

He, T., Long, S., Yi, G., Wang, X., Li, J., Wu, Z., Guo, Y., Sun, F., Liu, J., & Chen, Z. (2023). Heating drinking water in cold season improves growth performance via enhancing antioxidant capacity and rumen fermentation function of beef cattle. *Antioxidants*, 12(8), 1492.

<https://doi.org/10.3390/antiox12081492>

Hoffbeck, C., Middleton, D. M. R. L., Wallbank, J. A., Boey, J. S., & Taylor, M. W. (2025). Culture-independent species-level taxonomic and functional characterisation of *Bacteroides*, the core bacterial genus within reptile guts. *Molecular Ecology*, 34(6), e17685.

<https://doi.org/10.1111/mec.17685>

Hong, P. Y., Wheeler, E., Cann, I. K., & Mackie, R. I. (2011). Phylogenetic analysis of the fecal microbial community in herbivorous land and marine iguanas of the Galápagos Islands using 16S rRNA-based pyrosequencing. *The ISME Journal*, 5(9), 1461–1470.

<https://doi.org/10.1038/ismej.2011.33>

Jardon, K. M., Goossens, G. H., Most, J., Galazzo, G., Venema, K., Penders, J., & Blaak, E. E. (2024). Examination of sex-specific interactions between gut microbiota and host metabolism after 12-week combined polyphenol supplementation in individuals with overweight or obesity. *Gut Microbes*, 16(1), 2392875. <https://doi.org/10.1080/19490976.2024.2392875>

- Kembel, S. W., Cowan, P. D., Helmus, M. R., Cornwell, W. K., Morlon, H., Ackerly, D. D., Blomberg, S. P., & Webb, C. O. (2010). Picante: R tools for integrating phylogenies and ecology. *Bioinformatics*, 26(11), 1463–1464. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btq166>
- Kim, D. H., Jeong, D., Kang, I. B., Lim, H. W., Cho, Y., & Seo, K. H. (2019). Modulation of the intestinal microbiota of dogs by kefir as a functional dairy product. *Journal of Dairy Science*, 102(5), 3903–3911. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15639>
- Kläring, K., Hanske, L., Bui, N., Charrier, C., Blaut, M., Haller, D., Plugge, C. M., & Clavel, T. (2013). *Intestinimonas butyriciproducens* gen. nov., sp. nov., a butyrate-producing bacterium from the mouse intestine. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 63(12), 4606–4612. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.051441-0>
- Lan, W., Lu, Q., Ma, W., Jiang, Z., Chen, Y., Wang, Z., & Yao, X. (2025). Investigating the causal relationship between the gut microbiome and rheumatoid arthritis: Mediating effects of immune cells. *Journal of Translational Medicine*, 23(1), 187. <https://doi.org/10.1186/s12967-025-06206-x>
- Li, N., Tan, G., Xie, Z., Chen, W., Yang, Z., Wang, Z., Liu, S., & He, M. (2024). Distinct enterotypes and dysbiosis: Unraveling gut microbiota in pulmonary and critical care medicine inpatients. *Respiratory Research*, 25(1), 304. <https://doi.org/10.1186/s12931-024-02943-7>
- Li, N., Wang, S., Li, H., Liu, Z., Mo, H., Luan, J., Guo, N., Gou, X., Wu, Y., & Li, Z. (2025a). Gut microbiota-driven metabolic alterations reveal gut–brain communication of ergothioneine in ameliorating cognitive impairment in APP/PS1 mice. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 73(27), 16933–16948. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.5c02557>
- Li, J., Xu, J., Guo, X., Xu, H., Huang, C., Nie, Y., & Zhou, Y. (2025b). *Odoribacter splanchnicus*: A next-generation probiotic candidate. *Microorganisms*, 13(4), 815. <https://doi.org/10.3390/microorganisms13040815>
- Li, Y., Li, J., Cheng, R., Liu, H., Zhao, Y., Liu, Y., Chen, Y., Sun, Z., Zhai, Z., Wu, M., Yan, Y., Sun, Y., & Zhang, Z. (2023). Alteration of the gut microbiome and correlated metabolism in a rat model of long-term depression. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 13, 1116277. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1116277>
- Li, Y., Wang, K., Zhang, Y., Yang, J., Wu, Y., & Zhao, M. (2023). Revealing a causal relationship between gut microbiota and lung cancer: A Mendelian randomization study. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 13, 1200299. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1200299>
- Lin, M., Zeng, C., Li, Z., Ma, Y., & Jia, X. (2019). Comparative analysis of the composition and function of fecal-gut bacteria in captive juvenile *Crocodylus siamensis* between healthy and anorexic individuals. *MicrobiologyOpen*, 8(12), e929. <https://doi.org/10.1002/mbo3.929>
- Lin, X. H., Huang, K. H., Chuang, W. H., Luo, J. C., Lin, C. C., Ting, P. H., Young, S. H., Fang, W. L., Hou, M. C., & Lee, F. Y. (2018). The long-term effect of metabolic profile and microbiota status in early gastric cancer patients after subtotal gastrectomy. *PLoS ONE*, 13(11), e0206930. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0206930>
- López-Santamarina, A., Cardelle-Cobas, A., Mondragón Portocarrero, A. D. C., Cepeda Sáez, A., & Miranda, J. M. (2025). Modulatory effects of red seaweeds (*Palmaria palmata*, *Porphyra umbilicalis* and *Chondrus crispus*) on the human gut microbiota via an in vitro model. *Food Chemistry*, 476, 143437. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2025.143437>
- Luo, M., Feng, G., Chen, M., & Ke, H. (2023). Probiotics and immunostimulant modulate intestinal flora diversity in Reeves' turtle (*Mauremys reevesii*) and effects of *Clostridium butyricum* on its spleen transcriptome. *Fish & Shellfish Immunology*, 139, 108908. <https://doi.org/10.1016/j.fsi.2023.108908>

- Mckirdy, S., Koutsos, A., Nichols, B., Anderson, M., Dhimi, S., Chowdhury, C. R., Mascellani Bergo, A., Havlik, J., & Gerasimidis, K. (2025). Micronutrient supplementation influences the composition and diet-originating function of the gut microbiome in healthy adults. *Clinical Nutrition*, 51, 293–303. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2025.06.020>
- Morelli, G., Patuzzi, I., Losasso, C., Ricci, A., Contiero, B., Andrighetto, I., & Ricci, R. (2022). Characterization of intestinal microbiota in normal weight and overweight Border Collie and Labrador Retriever dogs. *Scientific Reports*, 12(1), 9199. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-13270-6>
- Nagumantri, S. P., Banu, S., & Idris, M. M. (2021). Transcriptomic and proteomic analysis of *Hemidactylus frenatus* during initial stages of tail regeneration. *Scientific Reports*, 11(1), 3675. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-83283-0>
- Neha, S. A., & Salazar-Bravo, J. (2023). Fine-scale spatial variation shapes fecal microbiome diversity and composition in black-tailed prairie dogs (*Cynomys ludovicianus*). *BMC Microbiology*, 23(1), 51. <https://doi.org/10.1186/s12866-023-02778-0>
- Nie, Q., Sun, Y., Hu, W., Chen, C., Lin, Q., & Nie, S. (2024). Glucmannan promotes *Bacteroides ovatus* to improve intestinal barrier function and ameliorate insulin resistance. *iMeta*, 3(1), e163. <https://doi.org/10.1002/imt2.163>
- Nocker, A., Burr, M., & Camper, A. K. (2007). Genotypic microbial community profiling: A critical technical review. *Microbial Ecology*, 54(2), 276–289. <https://doi.org/10.1007/s00248-006-9199-5>
- Oksanen, J., Blanchet, F. G., Kindt, R., Legendre, P., Minchin, P. R., O'Hara, R. B., Simpson, G. L., Solymos, P., Stevens, M. H. H., & Wagner, H. (2013). *vegan: Community ecology package* (Version 2.0-6) [Computer software]. CRAN. <https://doi.org/10.32614/CRAN.package.vegan>
- Olías-Molero, A. I., Botías, P., Cuquerella, M., García-Cantalejo, J., Barcia, E., Torrado, S., Torrado, J. J., & Alunda, J. M. (2022). *Leishmania infantum* infection does not affect the main composition of the intestinal microbiome of the Syrian hamster. *Parasites & Vectors*, 15(1), 468. <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05576-1>
- Pangga, G. M., Star-Shirko, B., Psifidi, A., Xia, D., Corcionivoschi, N., Kelly, C., Hughes, C., Lavery, U., Richmond, A., Ijaz, U. Z., & Gundogdu, O. (2025). Impact of commercial gut health interventions on caecal metagenome and broiler performance. *Microbiome*, 13(1), 30. <https://doi.org/10.1186/s40168-024-02012-7>
- Parker, B. J., Wearsch, P. A., Veloo, A. C. M., & Rodriguez-Palacios, A. (2020). The genus *Alistipes*: Gut bacteria with emerging implications for inflammation, cancer, and mental health. *Frontiers in Immunology*, 11, 906. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2020.00906>
- Peng, Y., Du, Y., Zhang, Y., Wang, Z., Hu, T., Mai, Y., Song, H., Pan, W., Cai, Q., Ge, F., Fan, Y., Kim, H. Y., Liu, D., & Guan, X. (2024). Gegen Qinlian decoction alleviates depression-like behavior by modulating the gut microenvironment in CUMS rats. *BMC Complementary Medicine and Therapies*, 24(1), 339. <https://doi.org/10.1186/s12906-024-04638-4>
- Portlock, T., Shama, T., Kakon, S. H., Hartjen, B., Pook, C., Wilson, B. C., Bhuttor, A., Ho, D., Shennon, I., Engelstad, A. M., Di Lorenzo, R., Greaves, G., Rahman, N., Kelsey, C., Gluckman, P. D., O'Sullivan, J. M., Haque, R., Forrester, T., & Nelson, C. A. (2025). Interconnected pathways link faecal microbiota, plasma lipids, and brain activity to childhood malnutrition-related cognition. *Nature Communications*, 16(1), 473. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-55798-3>
- Qi, Q., Liu, Y. N., Lv, S. Y., Wu, H. G., Zhang, L. S., Cao, Z., Liu, H. R., Wang, X. M., & Wu, L. Y. (2022). Gut microbiome alterations in colitis rats after moxibustion at bilateral Tianshu acupoints. *BMC Gastroenterology*, 22(1), 62. <https://doi.org/10.1186/s12876-022-02115-1>

- Qin, Z., Wang, S., Guo, D., Zhu, J., Chen, H., Bai, L., Luo, X., & Yin, Y. (2019). Comparative analysis of intestinal bacteria among venom-secreting and non-secreting snakes. *Scientific Reports*, 9(1), 6335. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-42787-6>
- Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., Peplies, J., & Glöckner, F. O. (2013). The SILVA ribosomal RNA gene database project: Improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Research*, 41(D1), D590–D596. <https://doi.org/10.1093/nar/gks1219>
- R Core Team. (2023). *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.R-project.org/>
- Radjabzadeh, D., Bosch, J. A., Uitterlinden, A. G., Zwinderman, A. H., Ikram, M. A., van Meurs, J. B. J., Luik, A. I., Nieuwdorp, M., Lok, A., van Duijn, C. M., Kraaij, R., & Amin, N. (2022). Gut microbiome-wide association study of depressive symptoms. *Nature Communications*, 13(1), 7128. <https://doi.org/10.1038/s41467-022-34502-3>
- Ramos, S. C., Kim, S. H., Jeong, C. D., Mamuad, L. L., Son, A.-R., Kang, S. H., Cho, Y. I., Kim, T. G., Lee, J. S., Cho, K. K., Lee, S. S., & Lee, S. S. (2022). Increasing buffering capacity enhances rumen fermentation characteristics and alters rumen microbiota composition of high-concentrate fed Hanwoo steers. *Scientific Reports*, 12, 20739. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-24777-3>
- Reis, A. C., Silva, J. O., Laranjeira, B. J., Pinheiro, A. Q., & Carvalho, C. B. (2014). Virulence factors and biofilm production by isolates of *Bacteroides fragilis* recovered from dog intestinal tracts. *Brazilian Journal of Microbiology*, 45(2), 647–650. <https://doi.org/10.1590/s1517-83822014000200037>
- Rostaher, A., Morsy, Y., Favrot, C., Unterer, S., Schnyder, M., Scharl, M., & Fischer, N. M. (2022). Comparison of the gut microbiome between atopic and healthy dogs: Preliminary data. *Animals*, 12(18), 2377. <https://doi.org/10.3390/ani12182377>
- Rouskas, K., Guela, M., Pantoura, M., Pagkalos, I., Hassapidou, M., Lalama, E., Pfeiffer, A. F. H., Decorte, E., Cornelissen, V., Wilson-Barnes, S., Hart, K., Mantovani, E., Dias, S. B., Hadjileontiadis, L., Gymnopoulos, L. P., Dimitropoulos, K., & Argiriou, A. (2025). The influence of an AI-driven personalized nutrition program on the human gut microbiome and its health implications. *Nutrients*, 17(7), 1260. <https://doi.org/10.3390/nu17071260>
- Schultz, J. T., Labonte, D., & Clemente, C. J. (2023). Multilevel dynamic adjustments of geckos (*Hemidactylus frenatus*) climbing vertically: Head-up versus head-down. *Journal of the Royal Society Interface*, 20(201), 20220840. <https://doi.org/10.1098/rsif.2022.0840>
- Shi, K., Zhou, X., Dai, J., Jia, J., Dong, G., Wang, Y., Shen, Y., & Chen, S. (2025). Probiotic *Hungatella hathewayi* increases host estrogen level via regulation of gut microbiota and host metabolism in sows. *Frontiers in Microbiology*, 16, 1598365. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1598365>
- Singh, B. R., Singh, V., Ebibeni, N., & Singh, R. K. (2013). Antimicrobial and herbal drug resistance in enteric bacteria isolated from faecal droppings of common house lizard/gecko (*Hemidactylus frenatus*). *International Journal of Microbiology*, 2013, 340848. <https://doi.org/10.1155/2013/340848>
- Talpur, M. Z., Peng, W., Zeng, Y., Xie, P., Li, J., Zhang, H., Shu, G., & Jiang, Q. (2022). Effects of phenylpyruvate on the growth performance and intestinal microbiota in broiler chicken. *British Poultry Science*, 63(5), 670–679. <https://doi.org/10.1080/00071668.2022.2061330>
- Tang, H. B., Qian, X. R., Yang, W. Q., Yang, J. M., Zhang, J. H., & Lu, H. L. (2025). Environmentally relevant concentrations of atrazine had minor impacts on gut microbiota and liver

metabolite in juvenile turtles. *Archives of Environmental Contamination and Toxicology*, 88(2), 158–166. <https://doi.org/10.1007/s00244-025-01112-1>

Tremlett, H., Zhu, F., Arnold, D., Bar-Or, A., Bernstein, C. N., Bonner, C., Forbes, J. D., Graham, M., Hart, J., Knox, N. C., Marrie, R. A., Mirza, A. I., O'Mahony, J., Van Domselaar, G., Yeh, E. A., Zhao, Y., Banwell, B., & Waubant, E. (2021). The gut microbiota in pediatric multiple sclerosis and demyelinating syndromes. *Annals of Clinical and Translational Neurology*, 8(12), 2252–2269. <https://doi.org/10.1002/acn3.51476>

Uetz, P., Freed, P., Aguilar, R., Reyes, F., Kudera, J. & Hošek, J. (eds.) (2025) *The Reptile Database*, <http://www.reptile-database.org>, accedido el 05 de diciembre de 2025.

Vandeputte, D., Falony, G., Vieira-Silva, S., Tito, R. Y., Joossens, M., & Raes, J. (2016). Stool consistency is strongly associated with gut microbiota richness and composition, enterotypes and bacterial growth rates. *Gut*, 65(1), 57–62. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2015-309618>

Videvall, E., Song, S. J., Bensch, H. M., Strandh, M., Engelbrecht, A., Serfontein, N., Hellgren, O., Olivier, A., Cloete, S., Knight, R., & Cornwallis, C. K. (2019). Major shifts in gut microbiota during development and its relationship to growth in ostriches. *Molecular Ecology*, 28(10), 2653–2667. <https://doi.org/10.1111/mec.15087>

Weinert-Nelson, J. R., Biddle, A. S., & Williams, C. A. (2022). Fecal microbiome of horses transitioning between warm-season and cool-season grass pasture within integrated rotational grazing systems. *Animal Microbiome*, 4(1), 41. <https://doi.org/10.1186/s42523-022-00192-x>

Wu, L., Wang, J. H., Park, S. H., Cui, Y., Han, K., & Kim, H. (2025a). Synergistic effects of human-origin novel postbiotic *Bacteroides* & *Phocaeicola* on obesity and thermogenesis in high-fat diet-induced metabolic dysfunction. *Beneficial Microbes*. Advance online publication. <https://doi.org/10.1163/18762891-bja00080>

Wu, Y., Shao, Y., Shao, X., Yu, H., Wang, M., Wang, J., She, Y., Liu, J., Zhang, T., Li, Z., & Abd El-Aty, A. M. (2025b). Qingke β -glucan and *Lactobacillus* mitigate neuroinflammation and enhance cognitive function in an Alzheimer's disease mouse model. *International Journal of Biological Macromolecules*, 319(Pt 2), 145427. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2025.145427>

Xi, L., Wen, X., Jia, T., Han, J., Qin, X., Zhang, Y., & Wang, Z. (2023). Comparative study of the gut microbiota in three captive *Rhinopithecus* species. *BMC Genomics*, 24(1), 398. <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09440-z>

Yang, J., Liu, W., Han, X., Hao, X., Yao, Q., & Du, W. (2024). Gut microbiota modulation enhances the immune capacity of lizards under climate warming. *Microbiome*, 12(1), 37. <https://doi.org/10.1186/s40168-023-01736-2>

Zha, X., Liu, X., Wei, M., Huang, H., Cao, J., Liu, S., Bian, X., Zhang, Y., Xiao, F., Xie, Y., Wang, W., & Zhang, C. (2025). Microbiota-derived lysophosphatidylcholine alleviates Alzheimer's disease pathology via suppressing ferroptosis. *Cell Metabolism*, 37(1), 169–186.e9. <https://doi.org/10.1016/j.cmet.2024.10.006>

Zhang, L., Wang, Y., Wang, W., Wang, L., Shi, J., Cheng, J., Zhang, J., Li, A., He, B., & Fan, Z. (2025a). Effects of deoxynivalenol detoxifier on growth performance, blood biochemical indices, and microbiota composition of piglets. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(5), 2045. <https://doi.org/10.3390/ijms26052045>

Zhang, M., Bai, H., Zhao, Y., Wang, R., Li, G., Zhang, Y., & Jiao, P. (2022). Effects of supplementation with lysophospholipids on performance, nutrient digestibility, and bacterial communities of beef cattle. *Frontiers in Veterinary Science*, 9, 927369. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.927369>

- Zhang, R., Tang, Y., Feng, X., Lu, X., Zhao, M., Jin, J., Ji, X., He, H., & Zhao, L. (2025b). Targeted modulation of intestinal barrier and mucosal immune-related microbiota attenuates IgA nephropathy progression. *Gut Microbes*, 17(1), 2458184. <https://doi.org/10.1080/19490976.2025.2458184>
- Zhang, W., Li, N., Tang, X., Liu, N., & Zhao, W. (2018). Changes in intestinal microbiota across an altitudinal gradient in the lizard *Phrynocephalus vlangalii*. *Ecology and Evolution*, 8(9), 4695–4703. <https://doi.org/10.1002/ece3.4029>
- Zhang, Y., Xing, H., Bolotnikov, G., Krämer, M., Gotzmann, N., Knippschild, U., Kissmann, A. K., & Rosenau, F. (2023). Enriched aptamer libraries in fluorescence-based assays for *Rikenella microfus*-specific gut microbiome analyses. *Microorganisms*, 11(9), 2266. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11092266>
- Zhao, Q., Dai, M. Y., Huang, R. Y., Duan, J. Y., Zhang, T., Bao, W. M., Zhang, J. Y., Gui, S. Q., Xia, S. M., Dai, C. T., Tang, Y. M., Gonzalez, F. J., & Li, F. (2023). *Parabacteroides distasonis* ameliorates hepatic fibrosis potentially via modulating intestinal bile acid metabolism and hepatocyte pyroptosis in male mice. *Nature Communications*, 14(1), 1829. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-37459-z>
- Zhi, N., Chang, X., Zha, L., Zhang, K., Wang, J., & Gui, S. (2025). *Platycodonis radix* polysaccharides suppress progression of high-fat-induced obesity through modulation of intestinal microbiota and metabolites. *Phytomedicine*, 142, 156653. <https://doi.org/10.1016/j.phymed.2025.156653>
- Zhou, M., Yan, Z., Wang, D., Li, C., Wang, L., Li, R., Yin, J., & Yin, Y. (2025). *Isatidis* root polysaccharides ameliorate post-weaning diarrhea by promoting intestinal health and modulating the gut microbiota in piglets. *Veterinary Quarterly*, 45(1), 1–15. <https://doi.org/10.1080/01652176.2024.2447600>
- Zhou, Q., Lan, F., Gu, S., Li, G., Wu, G., Yan, Y., Li, X., Jin, J., Wen, C., Sun, C., & Yang, N. (2023). Genetic and microbiome analysis of feed efficiency in laying hens. *Poultry Science*, 102(4), 102393. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2022.102393>