



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
POSGRADO EN CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA

DIVERSIDAD BACTERIANA PRESENTE EN EL SEDIMENTO SUPERFICIAL DE CUATRO ARRECIFES DE CORAL, UBICADOS SOBRE LA PLATAFORMA CONTINENTAL DE LA PENÍNSULA DE YUCATÁN-MÉXICO.

TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:
MAESTRO EN CIENCIAS

PRESENTA

LUIS FERNEL GUILLEN RUIZ

TUTOR PRINCIPAL

Dra. MARÍA LETICIA ARENA ORTIZ
Facultad de Ciencias, UNAM

COMITÉ TUTOR

Dra. ROCIO ALCÁNTARA HERNÁNDEZ
Instituto de Geología, UNAM
Dra. ANASTAZIA TERESA BANASZAK
Instituto de Ciencias del Mar y Limnología
Dra. LUISA FALCON ALVAREZ
Instituto de Ecología, UNAM
Dr. ERNESTO PÉREZ RUEDA
Instituto de Biotecnología, UNAM

SISAL - YUCATÁN, SEPTIEMBRE 2017



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.



DIVERSIDAD BACTERIANA PRESENTE EN EL SEDIMENTO SUPERFICIAL DE CUATRO ARRECIFES DE CORAL, UBICADOS SOBRE LA PLATAFORMA CONTINENTAL DE LA PENÍNSULA DE YUCATÁN-MÉXICO

TESIS

QUE PARA OBTENER POR EL GRADO ACADÉMICO DE

MAESTRO EN CIENCIAS

PRESENTA

LUIS FERNEL GUILLEN RUIZ

TUTOR PRINCIPAL

Dra. MARÍA LETICIA ARENA ORTIZ
Facultad de Ciencias, UNAM

COMITÉ TUTOR

Dra. ROCIO ALCÁNTARA HERNÁNDEZ
Instituto de Geología, UNAM
Dra. ANASTAZIA TERESA BANASZAK
Instituto de Ciencias del Mar y Limnología
Dra. LUISA FALCON ALVAREZ
Instituto de Ecología, UNAM
Dr. ERNESTO PÉREZ RUEDA
Instituto de Biotecnología, UNAM

SISAL - YUCATÁN, SEPTIEMBRE 2017

Existen algunos momentos, lugares y personas que quedan plasmados en ti por los restantes años que has de estar sintiendo el sol, soy afortunado porque de ellos he tenido varios, pero hay otros ... muy pocos ... que logran hacerte un doblez y de los que podrás escribir un antes y un después, pues son esté momento, este lugar y las personas que llegaron a nosotros, uno de ellos. Gracias a la vida que me arrastro al hoy, a mi viejita quien con gran valentía sufrió la distancia que nos separó, a mis hermanos por su ejemplo y apoyo total, a mis sobrinos por esas sonrisas que a la distancia me hicieron sentir en casa, a mi gran familia que es por ellos quien soy, y a mi princesa, de quien es el latido que me lleva a desear abrir los ojos cada mañana, gracias amor por esta aventura y por la que iniciaremos a vivir mañana.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo se llevó a cabo en las instalaciones de la Unidad Académica de Ciencias y Tecnología de la UNAM en Yucatán, campus Sisal y en el Parque Científico y Tecnológico de Yucatán. Con una beca CONACyT. En el marco de los proyectos CONACyT - PN 212745 y LANRESC. Bajo la dirección de la Dra. María Leticia Arena Ortiz.

Agradezco por su apoyo en las actividades de muestreo al M. en C. Gerardo Alberto Sosa Hernández, la M. en C. María del Carmen García Rivas y su equipo de trabajo en la CONANP, y al M. en C. Baruch Figueroa Zavala y su equipo de trabajo en el Centro Ecológico Akumal; por su apoyo técnico en el trabajo desarrollado en laboratorio a la M. en C. Karla Susana Escalante Herrera y a la Dra. Joanna María Ortiz Alcántara; por la orientación en el manejo informático de los datos a la Biol. Valerie Yselle de Anda Torres, la M. en C. Mariana García, al Biol. Andrés Sánchez Quinto, la M. en C. Liliana Margoth Castro Cubillos y al M. en C. Javier Apodaca Hernández; y por su apoyo durante todo el desarrollo de este trabajo a la candidata a M. en C. Maria Fernanda Vargas Ardila.

Por último, por su apoyo y aportes para el buen desarrollo de este trabajo, doy gracias a los miembros del comité tutor, Dra. Roció Alcántara Hernández, Dra. Anastazia Teresa Banaszak, Dra. Luisa Falcón Álvarez y Dr. Ernesto Pérez Rueda.

TABLA DE CONTENIDO

INDICE DE TABLAS	4
INDICE DE FIGURAS	6
1. RESUMEN	8
2. INTRODUCCIÓN	9
3. PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN	12
4. OBJETIVOS	13
5. MARCO TEÓRICO Y ANTECEDENTES	14
Diversidad biológica	14
Diversidad bacteriana	14
Ecología Microbiana	15
Índices de diversidad	16
Índice de Shannon	16
Índice de equidad de Pielou	16
Índice de Simpson.....	17
Comunidad bacteriana en el sedimento marino	17
Arrecifes de coral	21
Zonas arrecifales de estudio.	22
Arrecife Sisal	23
Parque Nacional Isla Contoy	23
Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos	23
Arrecife Akumal	24
Distancias entre las zonas de muestreo	24
Corrientes en las zonas de estudio	24
Información relacionada a las zonas de estudio.....	25

6. METODOLOGÍA.....	26
Muestreo	26
Arrecife Sisal	26
Parque Nacional Isla Contoy	27
Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos.....	28
Arrecife Akumal	30
Extracción de ADN.....	31
Método de extracción	31
Verificación de la extracción.....	31
Cuantificación del ADN	31
Secuenciación	32
Manejo de las secuencias	32
Control de calidad de secuencias	32
Unión de secuencias de final pareado (join paired-end).....	33
Limpieza de secuencias y corte de iniciadores	33
Clasificación de OTUs y asignación taxonómica.....	33
Resultados de la clasificación	34
Composición de las comunidades bacterianas de cada una de las muestras en estudio, en tres niveles taxonómicos.....	34
Comparación de las comunidades bacterianas presentes en las 5 muestras.....	34
Rarificación, índices de diversidad y riqueza taxonómica	34
Clúster.....	35
Identificación de géneros bacterianos de interés para el ser humano	35
7. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	36
Extracción de ADN.....	36
Verificación de la extracción de ADN.....	36
Cuantificación del ADN extraído.....	36
Secuenciación	37
Manejo de las secuencias	38
Control de calidad de secuencias sin procesar.....	38
Unión de las secuencias de final pareado (join paired-end).....	39
Limpieza de secuencias y corte de iniciadores y cebadores.....	39

Control de calidad de secuencias tratadas	40
Clasificación taxonómica y obtención de OTUs	40
Resultados de la clasificación	41
Composición de las comunidades bacterianas de cada una de las muestras en estudio, en tres niveles taxonómicos	41
Comparación de las comunidades bacterianas presentes en las 5 muestras.....	50
Rarificación, índices de diversidad y riqueza taxonómica.	52
Identificación de géneros bacterianos de interés para el ser humano	56
Géneros con potencial de agentes etiológicos	57
Identificación de géneros con potencial biotecnológico.	60
8. CONCLUSIONES.....	65
9. REFERENCIAS	66
10. ANEXOS	79
A. Parámetros Físicoquímicos.....	79
Arrecife Sisal	79
Parque Nacional Isla Contoy	79
Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos.....	79
Arrecife Akumal	80
B. Composición de la comunidad bacteriana	80
Filo	80
Clase	82
Género	83
C. Criterios de aviso y falla para cada uno de los parámetros evaluados en el control de calidad de las secuencias.....	98
Calidad de las secuencias por bases	98
Valores de calidad por secuencia	98
Contenido de CG por secuencia.....	98
Contenido de N por bases	98

INDICE DE TABLAS

<i>Tabla 1. Composición predominante de la comunidad bacteriana del sedimento marino costero, reportada en la literatura.</i>	19
<i>Tabla 2. Géneros relacionados con procesos metabólicos efectuados en los sedimentos marinos reportados en la literatura.</i>	20
<i>Tabla 3. Patógenos comunes reportados en muestras de sedimentos marinos</i>	21
<i>Tabla 4. Distancia entre las zonas arrecifales de muestreo</i>	24
<i>Tabla 5. Distancia de la costa, distancia de la población más cercana, número de habitantes (población más cercana), número de turistas / año, principales actividades económicas en la población más cercana, principales actividades desarrolladas en la zona arrecifal</i>	25
<i>Tabla 6. Puntos de muestreo y coordenadas geográficas en el arrecife Sisal</i>	26
<i>Tabla 7. Puntos de muestreo y coordenadas geográficas en el Parque Nacional Isla Contoy</i>	27
<i>Tabla 8. Puntos de muestreo y coordenadas geográficas en el Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos</i>	29
<i>Tabla 9. Puntos de muestreo y coordenadas geográficas en el Arrecife Akumal</i>	30
<i>Tabla 10. Composición de las muestras finales</i>	31
<i>Tabla 11. Concentración de ADN en muestras finales, medida en dos equipos. Fluorómetro que determina concentración y NanoDrop que determina concentración y relación 260/280</i>	37
<i>Tabla 12. Relación de muestras que amplificaron e identificación de la biblioteca</i>	38
<i>Tabla 13. Resultados del control de calidad efectuado a las secuencias de final pareado, obtenidas de la secuenciación</i>	38
<i>Tabla 14. Resultados obtenidos del ensamble de secuencias R1 y R2 para cada muestra. Secuencias iniciales por muestra, secuencias descartadas (por no cumplir con los filtros), secuencias ensambladas y porcentaje que representan las secuencias ensambladas</i>	39
<i>Tabla 15. Resultados obtenidos de la limpieza de las secuencias usando un valor de 20 en la escala de Phred y longitud de las secuencias antes y después del corte de indicadores y cebadores</i>	39
<i>Tabla 16. Resultados del control de calidad efectuado a las secuencias obtenidas del ensamble de R1 y R2, de la eliminación de las secuencias con una calidad en la escala de Phred menor a 20 y de la eliminación de iniciadores y cebadores</i>	40
<i>Tabla 17. Total de lecturas cargadas en OneCodex por muestra, lecturas clasificadas y porcentaje que representan las lecturas clasificadas</i>	41
<i>Tabla 18. Índices de diversidad y riqueza de la comunidad bacteriana</i>	53

<i>Tabla 19. Géneros de bacterias asociados con algunos agentes etiológico reportados en las muestras de, Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.</i>	<i>58</i>
<i>Tabla 20. Géneros de bacterias relacionas a especies con potencial biotecnológico en las muestras de, Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.,</i>	<i>61</i>
<i>Tabla 21. Parámetros Fisicoquímicos Arrecife Sisal</i>	<i>79</i>
<i>Tabla 22. Parámetros Fisicoquímicos Parque Nacional Isla Contoy</i>	<i>79</i>
<i>Tabla 23. Parámetros Fisicoquímicos Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos.....</i>	<i>80</i>
<i>Tabla 24. Parámetros Fisicoquímicos Arrecife Akumal</i>	<i>80</i>
<i>Tabla 25. Composición de la comunidad bacteriana en abundancias relativas al nivel taxonómico de filo, presente en el sedimento superficial asociado a las zonas arrecifales de, Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos y Arrecife Akumal (Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal)</i>	<i>82</i>
<i>Tabla 26. Composición de la comunidad bacteriana en abundancias relativas al nivel taxonómico de Clase, presente en el sedimento superficial asociado a las zonas arrecifales de, Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos y Arrecife Akumal (Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal)</i>	<i>83</i>
<i>Tabla 27. Composición de la comunidad bacteriana en abundancias relativas al nivel taxonómico de Género, presente en el sedimento superficial asociado a las zonas arrecifales de, Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos y Arrecife Akumal (Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal)</i>	<i>97</i>

INDICE DE FIGURAS

<i>Figura 1. Ubicación Geográfica de las áreas en estudio. (a) Península de Yucatán, (b) Arrecife Sisal, (c) Parque Nacional Isla Contoy, (d) Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos y (e) Arrecife Akumal.....</i>	<i>22</i>
<i>Figura 2. Patrón de corrientes oceánicas sobre la costa de la Península de Yucatán. (a) Tomada de National Oceanic and Atmospheric Administration (corriente de Lazo), y (b) tomada de OSCAR / Earth & Space Research (en tiempo real para el primer día de muestreo).....</i>	<i>25</i>
<i>Figura 3. Puntos de muestreo Arrecife Sisal.....</i>	<i>27</i>
<i>Figura 4. Puntos de muestreo en el Parque Nacional Isla Contoy.....</i>	<i>28</i>
<i>Figura 5. Puntos de muestreo Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos (a) zonas: 1. Puerto Morelos y Tanchacte, 2. Tanchacte y Manchones y 3. Limones, (b) zona 1, (c) zona 2 y (d) zona 3.....</i>	<i>29</i>
<i>Figura 6. Puntos de muestreo Arrecife Akumal.....</i>	<i>30</i>
<i>Figura 7. Gel de agarosa al 1% para las muestras finales: A (Arrecife Sisal), B (Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos zona 1), C (Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos zona 2), D (Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos zona 3), E (Parque Nacional Isla Contoy zona 1), F (Parque Nacional Isla Contoy zona 2), G (Parque Nacional Isla Contoy zona 3), H (Arrecife Akumal zona 1), I (Arrecife Akumal zona 2) y J (Arrecife Akumal zona 3).....</i>	<i>36</i>
<i>Figura 8. Composición de la comunidad bacteriana del sedimento asociado a la zona arrecifal del arrecife de Sisal, en los niveles taxonómicos de filo, clase y género.....</i>	<i>42</i>
<i>Figura 9. Composición de la comunidad bacteriana del sedimento asociado a la zona arrecifal del Parque Nacional Isla Contoy, en los niveles taxonómicos de filo, clase y género.....</i>	<i>44</i>
<i>Figura 10. Composición de la comunidad bacteriana del sedimento asociado a la zona arrecifal de Puerto Morelos, en los niveles taxonómicos de filo, clase y género.....</i>	<i>45</i>
<i>Figura 11. Composición de la comunidad bacteriana del sedimento asociado a la zona arrecifal la Bahía de Media Luna, en los niveles taxonómicos de filo, clase y género.....</i>	<i>46</i>
<i>Figura 12. Composición de la comunidad bacteriana del sedimento asociado a la zona arrecifal la Bahía de Akumal, en los niveles taxonómicos de filo, clase y género.....</i>	<i>47</i>
<i>Figura 13. Resultados de la clasificación taxonómica a nivel de filo. Comparativo de filos entre las muestras de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.....</i>	<i>51</i>
<i>Figura 14. Resultados de la clasificación taxonómica a nivel de clase. Comparativo de filos entre las muestras de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.....</i>	<i>51</i>
<i>Figura 15. Curva de rarificación para las muestras de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.....</i>	<i>52</i>

Figura 16. Riqueza específica e índices de diversidad, equidad y dominancia de la comunidad bacteriana para las muestras de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.54

Figura 17. Posición que ocupa las muestras de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal en los valores calculados de riqueza, diversidad, equitatividad y dominancia.54

Figura 18. Dendograma del clúster realizado para la comunidad bacteriana de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna.....55

1. RESUMEN

Dada la importancia del estudio de la composición de las comunidades microbianas en el ambiente, este trabajo utilizando secuenciación de nueva generación (Illumina) a partir de ADN metagenómico, caracterizó la microbiota del sedimento superficial (hasta una profundidad de 5 cm) asociado a las zonas arrecifales de: Arrecife de Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos y las Bahías de Akumal y Media Luna en el Arrecife Akumal, todos ubicados sobre la plataforma continental de la península de Yucatán en México.

De 1 259 207 secuencias obtenidas en la secuenciación para las cinco muestras, 252 517 fueron clasificadas taxonómicamente en un total de 2093 OTUs. Incluyendo los candidatos a filo, la composición de la comunidad bacteriana fue representada por 56 filos y 338 géneros en el Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos, 56 filos y 337 géneros en el Arrecife de Sisal, 55 filos y 264 géneros en la Bahía de Media Luna, 55 filos y 284 géneros en la Bahía de Akumal y 47 filos y 280 géneros en el Parque Nacional Isla Contoy. Los filos Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes, Firmicutes y Planctomycetes fueron los de mayor número de lecturas asignadas en las muestras y los géneros con mayor abundancia relativa *Ilumatobacter*, *Rhodobacter*, *Synechococcus*, *Cellulomonas*, *Clostridium*, y *Demequina*.

La comunidad bacteriana descrita para todas las zonas muestreadas, es consistente con la reportada para sedimentos marinos costeros alrededor del mundo, y sugiere una predominante participación de organismos heterótrofos, los cuales desempeñan un papel clave en los ciclos biogeoquímicos en el océano. Dentro de las actividades metabólicas reportadas en la literatura para algunas especies de los géneros identificados, está la degradación de quitina, celulosa, hidrocarburos, heteropolisacaridos, biopolímeros y compuestos organoclorados; también la reducción de nitratos, la fijación de nitrógeno y la reducción de sulfato. Algunos tienen la capacidad de producir metabolitos secundarios de interés industrial y otros son considerados agentes etiológicos.

Un clúster de disimilitud a nivel de género permitió inferir una correlación espacial entre las zonas, siendo las más similares la Bahía de Akumal y el Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos, y la menos similar el Parque Nacional Isla Contoy.

Palabras clave: NGS, sedimento, arrecife, microbiota.

2. INTRODUCCIÓN

México forma parte de los 17 países considerados como megadiversos en el planeta, junto con países como Brasil, Colombia e Indonesia, identificados por el Centro de Monitoreo de la Conservación del Ambiente de las Naciones Unidas para el Medio Ambiente (UNEP-WCMC, Por sus siglas en inglés), al poseer la mayor riqueza de especies. En conjunto albergan más del 70 % de la biodiversidad del planeta (CONABIO, 2008; Toledo, 2005).

En el Convenio sobre la Diversidad Biológica de las Naciones Unidas de 1992, conscientes de: la importancia de esta diversidad en la evolución y el mantenimiento de los sistemas que permiten la vida en la biosfera; de la falta de información y conocimientos sobre la diversidad biológica; y de la necesidad de desarrollar capacidades científicas, técnicas e institucionales que permitan la generación de medidas adecuadas de conservación y recuperación de ecosistemas en riesgo, se ponen de manifiesto la autonomía de los estados y su responsabilidad en la conservación de su diversidad biológica y del uso sostenible de sus recursos naturales, y establecen lineamientos que promueven la cooperación internacional que incluye transferencia de tecnología e información (CDB, 1992).

En México, la adopción de medidas para el conocimiento, conservación y uso sostenible de la biodiversidad biológica, se respalda con la Ley General del Equilibrio Ecológico y la Protección al Ambiente de 1988 (última reforma publicada DOF 04-06-2012) (CONACyT, 2016) y la Ley General de Vida Silvestre del 2000 (última reforma publicada DOF 26-01-2015) (SEMA, 2015), donde se establece como figura de protección de los ecosistemas, las Áreas Naturales Protegidas como un instrumento jurídico de ordenamiento ecológico del territorio, siendo su función es la conservación de la biodiversidad y el aprovechamiento sustentable. Pese a los esfuerzos de las naciones, en la actualidad los ecosistemas naturales y su biodiversidad están siendo destruidos a pasos agigantados, y el tiempo del que disponemos para asegurar al menos en parte su supervivencia, es limitado (Halpern *et al.*, 2008; Iltis, 1970; INECC, 2007).

Uno de los ecosistemas marinos que más contribuye a la gran diversidad biológica de México, es el de los arrecifes de coral, estos son de gran importancia ecológica debido a su alta diversidad, productividad y complejidad estructural (Garza, 2010; Moberg & Folke, 1999; Nagelkerken *et al.*, 2000), así como por estar ligados a otros ecosistemas, ya que las grandes estructuras coralinas pueden cambiar la dirección y la velocidad de las corrientes marinas, absorber la energía de las olas y permitir que otros ecosistemas costeros como manglares y pastos marinos

puedan establecerse (Barbier *et al.*, 2008; CONABIO, 2012); también tienen la habilidad de crecer en aguas oligotróficas dando refugio a comunidades de fitoplancton, algas, peces, crustáceos y depredadores mayores, en aguas que de lo contrario no habitarían (Ortiz, 2005; Wood, 1993), generando un aumento en el número de relaciones tróficas e interacciones de tipo mutualismo, comensalismo y parasitismo (Schlaeppli & Bulgarelli, 2015).

La carga de sedimento y de nutrientes dentro de las diferentes zonas arrecifales alrededor del mundo pueden estar aumentado, generando cambios en el gradiente de luz y en el status oligotrófico de estos (Devlin & Brodie, 2005; Uthicke & McGuire, 2007), debido al aumento de las actividades turísticas que se desarrollan en su entorno, a las escorrentías generadas en la agricultura y al aumento de la densidad poblacional a lo largo de las costas. Estas perturbaciones podrían estar asociadas a la degradación del ecosistema arrecifal y a la disminución de su capacidad de recuperación ante perturbaciones naturales (Fabricius, 2005). Se han realizado estudios dirigidos a la comunidad de coral sobre los impactos que estas perturbaciones de origen antropogénico tienen sobre los arrecifes, sin embargo, se presume que los microorganismos son más sensibles y reaccionan rápidamente a pequeños cambios en el ambiente (Uthicke & McGuire, 2007). Lo que abre nuevas alternativas para el estudio y monitoreo del estado de estos ecosistemas.

Los microorganismos juegan un papel importante en los ecosistemas al participar en los ciclos biogeoquímicos, en la degradación de contaminantes y en la descomposición de la materia orgánica (Ávila *et al.*, 2016; Vullo, 2003). La generación de conocimiento de la diversidad biológica de los microorganismos, su papel en la complejidad estructural y la función de los ecosistemas, han sido una constante en los esfuerzos de los investigadores del país, sin embargo, aún hace falta mucha información por generar.

Con el objetivo de generar conocimiento de la diversidad microbiana en los ambientes naturales, que a futuro permita el desarrollo de estrategias de conservación y del uso sostenible de los recursos, se ha planteado este trabajo de investigación.

En los últimos años se han desarrollado metodologías moleculares que permiten analizar de manera extensa el microbioma ambiental, ya que es posible analizar la fracción de microorganismos no cultivables que no pueden ser detectados por los métodos clásicos de microbiología, entre estas metodologías, están las llamadas técnicas de secuenciación masiva, las cuales se han convertido en herramientas poderosas para explorar el mundo microbiano de un ecosistema y han facilitado la caracterización de las comunidades presentes. Las secuencias de nucleótidos del ADN contienen información clave sobre la identidad de los organismos, su

función y la forma en que interactúan entre sí y con su entorno, así como su historia evolutiva (Orellana, 2002).

Con la aplicación de estas tecnologías en los estudios de los ambientes arrecifales, se podría llegar a conocer la diversidad taxonómica de las comunidades microbianas que habitan en ellos y su potencial metabólico, permitiendo entender su papel dentro del ecosistema.

Considerando la premisa de estudios que establecen que la composición de la comunidad microbiana puede variar de un ambiente marino a otro, pero puede ser relativamente consistente en ambientes marinos similares, separados por largas distancias, se sugiere que las bacterias en la superficie de los sedimentos marinos provienen de la columna de agua suprayacente (Walsh *et al.*, 2015), por lo que las posibles diferencias en el microbioma de dos arrecifes de coral distantes, será entonces, por diferencias en la cambiante columna de agua, así como a la dinámica del transporte de sedimento en la zona (Aylward *et al.*, 2015).

3. PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN

- ¿Cuál es la diversidad y riqueza taxonómica de la comunidad bacteriana presente en el sedimento asociado a cuatro zonas arrecifales, ubicadas sobre la plataforma continental de la península de Yucatán?
- ¿Existen diferencias en la composición de las comunidades bacterianas de las cuatro zonas arrecifales en estudio?

4. OBJETIVOS

Objetivo general

Caracterizar las comunidades bacterianas presentes en el sedimento superficial asociado a cuatro zonas arrecifales ubicadas sobre la plataforma continental de la península de Yucatán-México.

Objetivos específicos

- Describir la composición de las comunidades bacterianas presentes en el sedimento superficial (hasta una profundidad de 5 cm) asociado a las zonas arrecifales de Arrecife Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos y Arrecife Akumal,
- Determinar y comparar la diversidad y riqueza taxonómica de las comunidades bacterianas presentes en el sedimento superficial asociado a las zonas arrecifales de Arrecife Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos y Arrecife Akumal,
- Identificar grupos bacterianos con potencial biotecnológico y aquellos relacionados con agentes etiológicos, presentes en el sedimento superficial asociado a las zonas arrecifales de Arrecife Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos y Arrecife Akumal.

5. MARCO TEÓRICO Y ANTECEDENTES

Diversidad biológica

El convenio de la Diversidad Biológica de las Naciones Unidas, define la diversidad biológica como *“la variabilidad de organismos vivos de cualquier fuente, incluidos, entre otras cosas, los ecosistemas terrestres y marinos y otros ecosistemas acuáticos y los complejos ecológicos de los que forman parte; comprende la diversidad dentro de cada especie, entre las especies y de los ecosistemas”* (CDB, 1992). Al considerar a organismos de cualquier fuente, se amplía este concepto a todos los niveles de la organización biológica, plantas, animales, hongos y microorganismos que viven en un espacio determinado, y al contemplar a los complejos ecológicos de los que forman parte, se hace referencia a la región donde se ubica el ecosistema. Dentro de este concepto también están incluidos los procesos ecológicos y evolutivos que se dan a nivel de genes, especies y ecosistemas (CONABIO, 2009; Toledo, 1994).

Diversidad bacteriana

Se puede definir como el número de especies y su abundancia relativa en un espacio y tiempo determinado dentro de un ecosistema; se relaciona con la estabilidad, productividad y estructura trófica, y puede ser considerada como un atributo de la comunidad (Stirling & Wilsey, 2001).

La diversidad de especies de microorganismos en un ecosistema dinámico, depende de la capacidad de respuesta de la comunidad a los cambios. La diversidad de especies, suele ser baja en ecosistemas dominados por factores fisicoquímicos (lagos salados, fuentes termales, desiertos), y alta en ecosistemas controlados por los biológicos. En los primeros, la comunidad se adapta al estrés constante, es decir se especializa, y en los segundos se fortalecen las interacciones entre las poblaciones, haciéndolas capaces de tolerar fluctuaciones ambientales ocasionales (Atlas & Bartha, 2002). Se ha observado que algunas perturbaciones, como la introducción de altas concentraciones de contaminantes en los ecosistemas, pueden llegar a reducir o aumentar considerablemente la diversidad de las comunidades, convirtiéndola en un índice de contaminación sensible (Sayler *et al.*, 1983; Wang *et al.*, 2013).

Ecología Microbiana

Definida como la ciencia que estudia las relaciones entre los microorganismos y sus ambientes biótico y abiótico (ISME, 2013). Esta disciplina emerge a principios de la década de los 60, y a finales de los 70, donde se establece como área especializada. Sin embargo, debido a las dificultades metodológicas que habían impedido el estudio a detalle de las comunidades microbianas en su ambiente natural, los modelos experimentales y matemáticos eran la base de esta ciencia. Hoy día, la incorporación de la biología molecular en el estudio de muestras ambientales, ha permitido avanzar a los ecólogos en la exploración de la biodiversidad de los microorganismos en sus ecosistemas (ISME, 2013; U.V., 2016).

La biología molecular es una disciplina, que estudia los procesos que se desarrollan en los seres vivos desde el punto de vista molecular, y que se enfoca en el comportamiento biológico de las macromoléculas dentro de la célula (ADN, ARN, enzimas, hormonas, etc.), con lo que explica las múltiples funciones biológicas de los organismos (Claros, 2003; Coriell Institute, 2017; Corvalán, 2002).

Las técnicas moleculares y nuevas capacidades analíticas, permiten identificar poblaciones microbianas específicas y sus actividades sin necesidad de cultivo (Olubukola, 2003), lo que mitiga los problemas de identificación fenotípica de los microorganismos (cepas de una misma especie pueden mostrar características diferentes) (Fernández *et al.*, 2010), enriqueciendo el conocimiento en relación a la complejidad del mundo microbiano y sus sistemas. Estos estudios son posibles gracias a las técnicas de secuenciación de ADN, y a desarrollos tecnológicos informáticos tales como: bases de datos específicas, algoritmos y herramientas computacionales especializadas, lo que permite obtener la clasificación taxonómica de los microorganismos presentes en una muestra.

Como marcador en los estudios moleculares bacterianos, el gen ARNr 16S es el de mayor popularidad. Al estar presente en todos los procariotes permite identificar la diversidad de la comunidad bacteriana y establecer relaciones filogenéticas entre ellas, ya que es variable y divergente genéticamente a nivel de especie. Es un gen estable, es decir que su función no se modifica en el tiempo, y posee sitios conservados; estos lugares permiten el diseño y construcción de cebadores universales (para amplificación por PCR), y son de una longitud óptima que facilita el trabajo en el laboratorio (Rodicio & Mendoza, 2004; Singer *et al.*, 2016; Valenzuela *et al.*, 2015).

A partir de la información que las nuevas herramientas generan, es posible obtener datos relacionados a la riqueza y diversidad de la microbiota en un ambiente, calculados con índices comúnmente usados en estudios de ecología.

Índices de diversidad

La diversidad es una propiedad relacionada con la variedad dentro de las comunidades biológicas, y es la expresión de dos componentes: el número de especies presentes en la comunidad (denominado riqueza de especies) y la equitatividad, que indica cómo se distribuye la abundancia entre las especies presentes (de Bello *et al.*, 2016; Haegeman *et al.*, 2014; Hill *et al.*, 2003). Aunque este concepto ha sido objeto de múltiples debates en la comunidad científica, por la implicación de algunas precisiones de tipo semántico, conceptual y técnico (Hurlbert, 1971), sigue siendo hoy día una herramienta muy común en estudios de ecología, en este caso bacteriana.

Índice de Shannon

Es uno de los índices más utilizados para cuantificar la biodiversidad específica. Este índice valora la heterogeneidad de una comunidad teniendo en cuenta el número de especies presentes y su abundancia relativa. Su valor varía entre cero cuando hay una sola especie en la muestra, y un límite superior que no tiene un valor fijo, y que se obtiene cuando las especies presentes tienen el mismo número de individuos (Moreno, 2001; Moseman *et al.*, 2009; Pla, 2006).

Fórmula para calcularlo:

$$H' = -\sum_{i=1}^s (\pi) (\ln \pi)$$

Ecuación 1. Índice de Shannon

Dónde:

S = Número de especies (riqueza de especies)

π = Abundancia relativa de la especie *i* (n_i / N)

n_i = Número de individuos de las especies *i*

N = Número de los individuos de todas las especies

Índice de equidad de Pielou

A partir del índice de Shannon, se calcula el índice de equidad de Pielou. Este mide la proporción de la diversidad observada contra la diversidad máxima posible, su valor oscila entre cero y uno,

siendo el máximo valor obtenido cuando todas las especies presentan la misma abundancia (Moreno, 2001).

Fórmula para calcularlo:

$$J' = H' / H'_{max}$$

Ecuación 2. Índice de Pielou

Donde:

H' = Índice de Shannon

$H'_{max} = \ln(S)$ (S= Número de especies)

Índice de Simpson

Este índice expresa la dominancia y la diversidad de las especies. Se calcula a partir de la proporción de individuos de cada especie i que conforman toda la muestra, donde el límite superior S , se refiere al número total de especies de la comunidad.

Fórmula para calcularlo:

$$D = \sum_{i=1}^S (\pi)^2 \quad (a)$$

$$S = 1-D \quad (b)$$

Ecuación 3. (a) Índice de dominancia Simpson, (b) Índice de diversidad Simpson

Donde:

D = Índice de dominancia de Simpson

π = Abundancia relativa

Este índice está basado en la probabilidad de que, si se toman dos individuos al azar de una muestra, estos sean de la misma especie. Es influenciado por las especies más dominantes (de Bello *et al.*, 2016; Haegeman *et al.*, 2014). Valores de D cercanos a 1 indican que sólo unas pocas especies predominan en la muestra. Valores de S cercanos a 1 indican que hay alta diversidad.

Comunidad bacteriana en el sedimento marino

Con el objetivo de identificar las comunidades microbianas asociadas al medio marino, y su función dentro de él como medio dinámico, se han efectuado algunos “mega-proyectos” con la participación multidisciplinaria de científicos, algunos de ellos son: Mar de Sargazo (Sargasso Sea shotgun sequencing project), Muestreo Global Oceánico (Global Ocean Sampling), Series de tiempo del Océano en Hawaii (Hawaii Ocean Time-series) y Censo Internacional de

Microorganismos Marinos (International Census of Marine Microbes) (Amaral *et al.*, 2010; Karl & Church, 2014; Rusch *et al.*, 2007; Valenzuela *et al.*, 2015; Venter *et al.*, 2004). Parte de la información y descripción general obtenida hasta el momento con estos y otros proyectos más, es que, en las zonas pelágicas de todos los océanos, las comunidades bacterianas planctónicas presentes son las mismas (mismos taxones), y que su abundancia relativa varía temporalmente (Gibbons *et al.*, 2013). En cuanto a la estructura de las comunidades plantónicas costeras, varían de acuerdo a la dinámica del transporte de sedimentos y corrientes de agua de la zona (Aylward *et al.*, 2015); y la presencia de nutrientes, heterogeneidad del sustrato y condiciones del medio, son las que influyen en las comunidades microbianas bentónicas y su diversidad (Miller *et al.*, 2013).

El sedimento marino cubre la mayor parte de la superficie de nuestro planeta. En él habitan aproximadamente entre de 3.6×10^{28} a 3.5×10^{30} microorganismos, con una densidad promedio de 5×10^5 células ml^{-1} (Valenzuela *et al.*, 2015; Whitman *et al.*, 1998). En los primeros centímetros de la mayor parte de los sedimentos marinos, su abundancia está aproximadamente entre 10^7 y 10^8 bacterias por gramo, y su número disminuye a medida que la profundidad aumenta por el agotamiento de nutrientes (no por anoxia) (Atlas & Bartha, 2002).

La disponibilidad de nutrientes, es uno de los principales factores que determina la productividad primaria microbiana en el ambiente marino (Fang *et al.*, 2006). El reciclado de nutrientes en la zona eufótica del medio pelágico, es lento, debido a que los cuerpos de los organismos que mueren en esta zona, arrastran nutrientes como el nitrógeno y fósforo al momento de su hundimiento al fondo del mar, donde son posteriormente liberados, y pueden tardar miles de años en volver a la superficie (Jardillier *et al.*, 2004). Por el contrario, en las zonas costeras y de afloramientos, la producción primaria es alta debido a la disponibilidad de nutrientes, por lo que la mayoría de las actividades de pesca comercial se desarrollan allí (Ismael, 2012; Paerl *et al.*, 2016).

Algunos nutrientes son utilizados por los productores primarios en la fotosíntesis para la producción de biomasa. La concentración de estos nutrientes en el ambiente marino depende de dos fuentes, las naturales por mineralización de la materia orgánica (ciclos biogeoquímicos), y las antropogénicas como las aguas residuales y escurrimientos (Lara, 2010). Aunque el mar cuenta con una serie de mecanismos físicos, químicos y biológicos, que le permite depurar los contaminantes que en él caen, en la actualidad se ha observado un desequilibrio en el ambiente marino (Yáñez & Day, 2010). Los ecosistemas costeros como los arrecifes, tienen un gran aporte de aguas residuales, con altas concentraciones de nutrientes, contaminantes químicos y también microbiológicos, que afectan la calidad del agua y del sedimento (Torres & Calva,

2012), y perturban la diversidad de las comunidades bacterianas (Guo *et al.*, 2016; Wang *et al.*, 2012).

Dentro de la composición que se ha reportado como predominante en la literatura, a niveles taxonómicos de filo, clase y género de la comunidad bacteriana (tabla 1) presente en el sedimento marino (dominado por arena), en algunas zonas costeras del caribe mexicano, Argentina, Brasil, Australia, China, Hawaii, Antártica y norte y este de Europa, están:

<i>Filo</i>	<i>Clase</i>	<i>Género</i>
Actinobacteria	Actinobacteria	<i>Anaerolineaceae</i>
Bacteroidetes	Alphaproteobacteria	<i>Bacillus</i>
Chloroflexi	Clostridia	<i>Caldilineaceae</i>
Euryarchaeota	Deltaproteobacteria	<i>Desulfobacter</i>
Firmicutes	Epsilonproteobacteria	<i>Desulfobulbus</i>
Gemmatimonadetes	Flavobacteria	<i>Lutibacter</i>
Nitrospira	Gammaproteobacteria	<i>Micrococcus</i>
Planctomycetes	Phycisphaerae	<i>Nitrospira</i>
Proteobacteria	Thermomicrobia	<i>Pseudomonas</i>

Tabla 1. Composición predominante de la comunidad bacteriana del sedimento marino costero, reportada en la literatura.

(Acuña *et al.*, 2011; Bowman *et al.*, 2005; Dykma *et al.*, 2016; Gaidos *et al.*, 2011; Gobet *et al.*, 2012; Guo *et al.*, 2016; Liu *et al.*, 2015; O'Connor *et al.*, 2014; Sørensen *et al.*, 2007; Tavares *et al.*, 2016; Wang *et al.*, 2013; Zheng *et al.*, 2014)

La mayoría de las bacterias marinas parecen ser oligotróficas estrictas, ya que pueden crecer a bajas concentraciones de nutrientes. Gran parte de estas son Gram negativas móviles, ya sean aerobias o anaerobias facultativas. Por su tamaño, pueden tender a ser adsorbidas en la superficie de algunas partículas detríticas, permitiéndoles crecer en puntos localizados (Bowman *et al.*, 2005; Fang *et al.*, 2006; Gobet *et al.*, 2012; McAllister *et al.*, 2011; Torsvik, *et al.*, 2002).

Algunas bacterias presentes en los sedimentos, desarrollan uno o más papeles en el reciclaje de elementos y compuestos químicos en la naturaleza, como los hidrocarburos de petróleo, algunos metales y otros contaminantes; esto junto a su participación en los ciclos biogeoquímicos, son las capacidades que las constituyen en la base de la estructura y función del ecosistema (Koo *et al.*, 2014). Algunos géneros de bacterias reportados en la literatura, que participan en estos procesos son:

Proceso		Géneros	Referencias
Ciclo	Azufre	<i>Desulfobacter, Desulfococcus, Desulfosarcina, Desulfotomaculum, Desulfovibrio, Desulfuromonas</i> y <i>Thiobacillus</i>	Guo <i>et al.</i> , 2016; Jackson B. & McLnerney, 2000; Koo <i>et al.</i> , 2014; Kuever, 2014.
	Fósforo	<i>Phaeobacter, Rhodocyclus, Ruegeria</i> y <i>Thalassospira</i>	Keating <i>et al.</i> , 2016; Yamaguchi <i>et al.</i> , 2016.
	Nitrógeno	<i>Anabaena, Azoarcus, Candidatus Scalindua, Clostridium, Desulfovibrio, Lyngbya, Nitrobacter, Nitrococcus, Nitrosococcus, Nitrosomonas, Nitrospira, Trichodesmium</i> y <i>Thiobacillus</i>	Dang <i>et al.</i> , 2010; Fernández <i>et al.</i> , 2014; Li & Gu, 2016; Ward <i>et al.</i> , 2007
Degradación de Hidrocarburos		<i>Acinetobacter, Azoarcus, Bacillus, Commamonas, Dyadobacter, Exiguobacterium, Halomonas, Oleibacter, Pseudoalteromonas, Ralstonia</i> y <i>Shewanella</i>	An <i>et al.</i> , 2004; Cébron <i>et al.</i> , 2008; Fernández <i>et al.</i> , 2014; Koo <i>et al.</i> , 2014; Luo <i>et al.</i> , 2013; Silva <i>et al.</i> , 2013; Suenaga <i>et al.</i> , 2007.
Metabolismo de metales y metaloides (Fe, Cr, Se, U, Mn, Pd, Tc, Ni, Co, Zn)		<i>Desulfomicrobium, Desulfosporosinus</i> y <i>Desulfovibrio</i>	Chardin <i>et al.</i> , 2003; Masscheleyn <i>et al.</i> , 1990; Stylo <i>et al.</i> , 2015; Zhou <i>et al.</i> , 2015.

Tabla 2. Géneros relacionados con procesos metabólicos efectuados en los sedimentos marinos reportados en la literatura.

Algunas bacterias patógenas para el ser humano, también han sido reportadas como asociadas al sedimento marino. Estas pueden provenir de diferentes fuentes, por lo general de origen antropogénico, tales como escorrentías (ríos e inundaciones) y drenajes sanitarios, al igual que de otras fuentes como las heces de los animales (Gobet *et al.*, 2012; Malham *et al.*, 2014). La mayoría de estos patógenos no logran sobrevivir al llegar al medio marino, debido a las condiciones fisicoquímicas del medio; sin embargo, algunas de ellas lo logran al ser adsorbidas por partículas en suspensión, que luego harán parte del sedimento, sin sugerir esto que sean un riesgo para la salud (Eguiarte *et al.*, 2007; FAO, 2004). Algunos agentes etiológicos, reportados en la literatura, presentes en el sedimento marino se muestran en la tabla 3.

Patógenos	Patógenos
<i>Aeromonas caviae</i>	<i>Scrippsiella trochoidea</i>
<i>Aeromonas schubertii</i>	<i>Shigella sonnei</i>
<i>Burkholderia pseudomallei</i>	<i>Shigella spp</i>
<i>Campylobacter jejuni</i>	<i>Trichuris trichiura</i>
<i>Clostridium botulinum</i>	<i>Tsukamurella</i>
<i>90Clostridium perfringens</i>	<i>Vibrio cholerae</i>
<i>Escherichia coli O157:H7</i>	<i>Vibrio fluvialis</i>
<i>Prorocentrum foraminosum</i>	<i>Vibrio furnissii</i>

Patógenos	Patógenos
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	<i>Vibrio mimicus</i>
<i>Rhodobacter sphaeroides</i>	<i>Yersinia enterocolitica</i>
<i>Salmonella paratyphi</i>	-

Tabla 3. Patógenos comunes reportados en muestras de sedimentos marinos

(Chen et al, 2014; García & Antillón, 1990; Joseph et al., 1988; Leyton & Riquelme 2008; López et al., 2009; Malham et al., 2014; Morozova et al, 2016; Ulanova & Goo, 2014).

Arrecifes de coral

Los corales son animales marinos sésiles, pertenecientes al filo *Cnidaria*, y se pueden clasificar como duros y blandos. Los corales duros tienen esqueletos de carbonato de calcio, crecen en colonias formadas por hasta miles de individuos zooides, pueden alcanzar grandes dimensiones, son formadores de arrecifes y viven en simbiosis con las zooxantelas (algas endosimbiontes). Los corales blandos son flexibles, tienen partículas calcáreas en las paredes del cuerpo que les da soporte estructural, se pueden encontrar tanto en aguas oceánicas tropicales como frías, y aunque no construyen arrecifes, si pueden formar parte de él (NOAA, 2013; NOAA, 2015; Ortiz, 2005; Reyes et al., 2007).

Al pólipo se le conoce como la parte viva de los corales. Los pólipos de los corales duros, tienen células calciformes que excretan carbonato de calcio permitiéndoles formar el exoesqueleto rígido, que les sirve de sostén. Los pólipos de los corales blandos, son anatómicamente similares a los del coral duro (Ohno et al., 2017; Ortiz, 2005), y aunque no forman los mismos exoesqueletos rígidos de carbonato de calcio, si excretan pequeñas unidades esqueléticas calcáreas o silíceas llamadas espículas que les dan rigidez (Jun, 2016).

En términos generales, los arrecifes de coral no representan un mayor porcentaje en la productividad marina total; sin embargo, estos forman parches de biomasa con una alta productividad, en zonas oligotróficas poco productivas, debido al eficiente reciclaje de nutrientes y energía dentro del ecosistema coralino (Archer et al, 2017; Atlas & Bartha, 2002). Para los arrecifes de coral, la asociación entre los pólipos del coral y las zooxantelas es crucial, estas últimas le proporcionan sus productos fotosintéticos (carbono orgánico y oxígeno) al pólipo, el cual los usa para la construcción del esqueleto y tejido a cambio de protección, CO₂ y nutrientes (del plancton que puede capturar y del metabolismo del pólipo). Además de esta asociación entre pólipo y zooxantela, el arrecife cuenta con otros mecanismos para la obtención de nutrientes, por ejemplo: la retención de nutrientes presentes en el agua por cianobacterias y algas de vida libre, el uso de estas algas como fuente de alimento por algunos invertebrados, y finalmente la retención de la materia orgánica originada en el ecosistema por algunos vertebrados y microorganismos (Alvarado & Vargas-Castillo, 2012; Reyes & Cruz, 2000).

Zonas arrecifales de estudio.

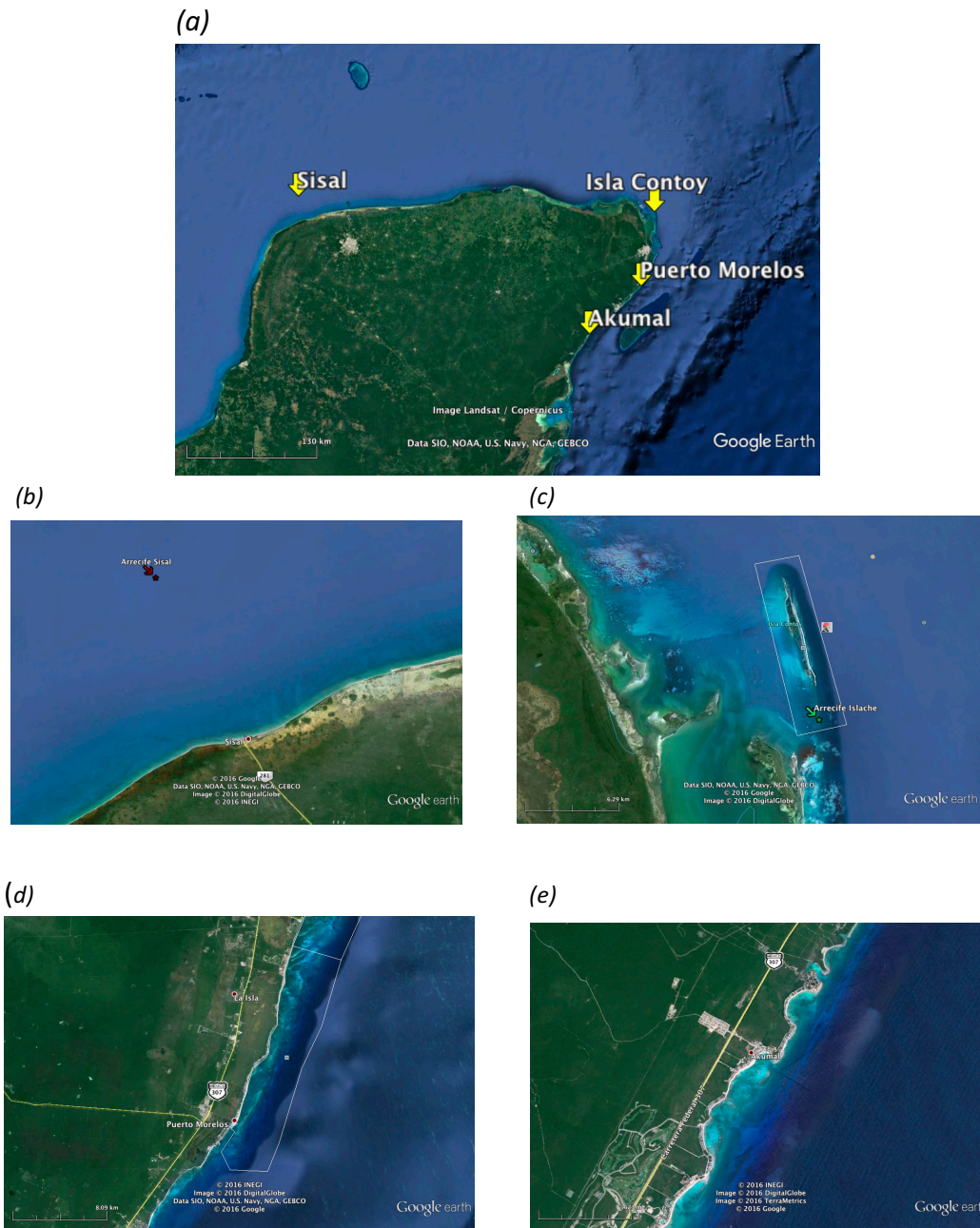


Figura 1. Ubicación Geográfica de las áreas en estudio. (a) Península de Yucatán, (b) Arrecife Sisal, (c) Parque Nacional Isla Contoy, (d) Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos y (e) Arrecife Akumal. (Google Earth, 2016)

Las diferencias en la conectividad oceánica y la influencia terrestre, permiten establecer tres grandes zonas arrecifales en el Atlántico Mexicano: El Caribe, con gran cantidad de arrecifes de coral; el suroeste del golfo de México, con una distribución de arrecifes restringida a zonas

donde la morfología lo permite y el banco de Campeche (Jordán & Rodríguez, 2003). En este estudio se consideraron un arrecife del banco de Campeche y tres del caribe, las áreas fueron seleccionados por su ubicación geográfica, accesibilidad para el desarrollo del estudio y su condición de protección (reserva natural). Las zonas de estudio y su ubicación geográfica se muestran en la figura 1.

Arrecife Sisal

Se localiza a 23 km a los 330° norte del Puerto de Sisal, al noroeste de la península de Yucatán, en el estado de Yucatán. Presenta estructuras arrecifales someras, que van desde los dos metros en algunas zonas del arrecife, a diez metros de profundidad en las llanuras de arena. Posee varias estructuras de arrecifes segregadas por la zona. El frente del arrecife es de 3.3 km de longitud (NW-SE), y la zona más ancha desde el frente hacia la parte posterior es de 1.2 km (Zarco *et al.*, 2013).

Parque Nacional Isla Contoy

Se ubica al noreste de la península de Yucatán en el estado de Quintana Roo, en el extremo poniente del canal de Yucatán, en el límite donde se mezclan las aguas del caribe y del Golfo de México (Chávez, 2009). Pertenece al conjunto de islas, bancos y arrecifes de la plataforma continental del Caribe mexicano, y es conocida también como la isla de los pájaros (lugar de anidamiento). Sus coordenadas geográficas son: 21°27'40" y 21°32'10" de latitud norte y 86°46'40" y 86°47'50" de longitud oeste, localizada aproximadamente a 12.8 km de la costa. Marca el inicio del Gran Arrecife del Caribe Mesoamericano. La mayoría del sustrato alrededor de la isla está cubierto por algas, y se encuentran pequeñas colonias de corales escleractinios y gorgonáceos. A 4 km de la punta sur de la isla se localiza el arrecife de Ixlache, que es un arrecife de tipo bordeante, con abundantes parches de crecimientos masivos de coral (INECC, 1997).

Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos

Está ubicado en la costa caribe del municipio de Puerto Morelos, 35 km al sur de Cancún en el estado de Quintana Roo. Se localiza entre los 21°00'00" y 20°48'33" latitud norte y 86°53'14.40" y 86°46'38.94" longitud oeste, y cubre una superficie de 9066 hectáreas. El arrecife coralino que se encuentra en el área, es una barrera de tipo bordeante extendido; se pueden diferenciar varios sectores de arrecife dentro del parque, el más homogéneo, que se encuentra entre Puerto Morelos y Punta Tanchacté, una serie de pequeños bajos sucesivos separados entre sí, por distancias de hasta 900 metros entre Punta Tanchacté y la Bonanza, y grandes secciones de

arrecife separados por canales entre la Bonaza y Punta Nizuc. El perfil de la barrera arrecifal comprende seis zonas: orilla, laguna, arrecife posterior, cresta, arrecife frontal y plataforma arenosa (INECC, 2000).

Arrecife Akumal

Se localiza a 105 km al sur de Cancún a los 20°24'00" latitud norte y 87°19'16" longitud oeste. El arrecife presenta dos lagunas arrecifales de poca profundidad, una al Sur llamada Bahía de Akumal, y otra al Norte, llamada Bahía de Media Luna. La primera mide 2 km de longitud y su profundidad no va más allá de los 2.5 m, mientras que la segunda mide alrededor de 0.5 km y es más somera. Ambas están limitadas hacia el mar por la cresta del arrecife y las separa un segmento de costa de aproximadamente 0.5 km. El arrecife inicia desde la orilla (Chávez, 2009).

Distancias entre las zonas de muestreo

La tabla 4 muestra la distancia medida por la línea de costa entre las zonas arrecifales en estudio.

	Akumal	Puerto Morelos	Isla Contoy	Sisal
Sisal	495 km	425 km	350 km	0
Isla Contoy	145 km	75 km	0	-
Puerto Morelos	70	0	-	-
Akumal	0	-	-	-

(Elaboración propia)

Tabla 4. Distancia entre las zonas arrecifales de muestreo

Corrientes en las zonas de estudio

En Sisal, las corrientes marinas que predominan llevan una dirección hacia el Oeste, paralelas a la costa, con velocidad promedio de 0.5 nudos y máxima alrededor de 2 nudos (DIGAOHM-SEMAR, s.f.). La zona de Isla Contoy se ve influenciada por corrientes litorales permanentes, el oleaje y las mareas, y el viento dominante viene del sureste (Chávez, 2009). En puerto Morelos y Akumal la corriente de Yucatán corre en dirección norte a lo largo de la costa (Jordán *et al.*, 2005), con velocidad promedio de 3 ms^{-1} (Athié *et al.*, 2011).

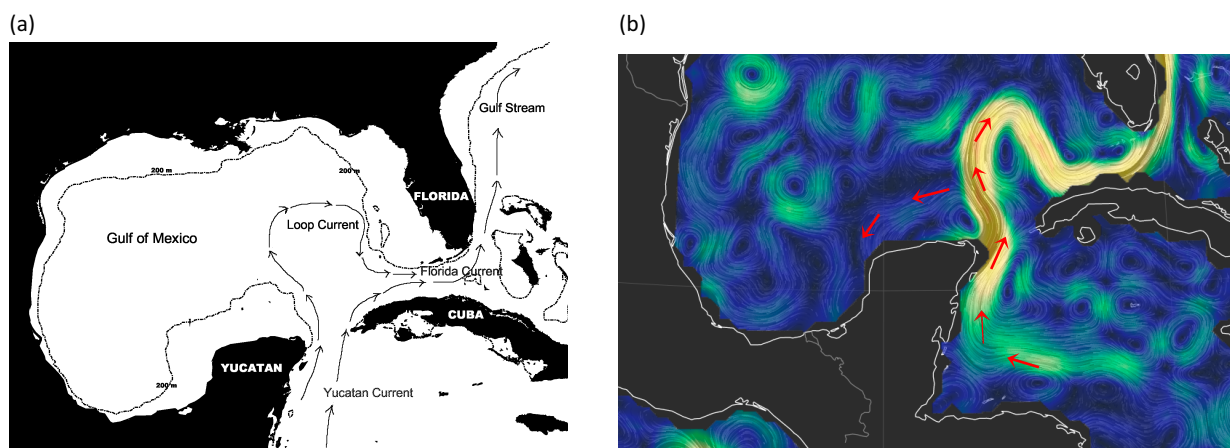


Figura 2. Patrón de corrientes oceánicas sobre la costa de la Península de Yucatán. (a) Tomada de National Oceanic and Atmospheric Administration (corriente de Lazo), y (b) tomada de OSCAR / Earth & Space Research (en tiempo real para el primer día de muestreo)

Información relacionada a las zonas de estudio

La tabla 5 muestra datos las zonas en estudio, que permiten identificar la posible influencia de actividades de origen antropogénico en cada una de ellas, entre ellos están: la distancia a la costa, distancia con la población más cercana, el número de habitantes en esa población, y algunos datos del turismo que en ellas se desarrolla.

	Sisal	Puerto Morelos	Akumal	Isla Contoy
Distancia de la costa	23 km	< 1 km	< 1 km	14 km
Distancia de la población más cercana	23 km	< 1 km	< 1 km	30 km
Número de habitantes (población más cercana)	1837	1097	1310	13500
Número de turistas / año	ND	ND	384 728	Permitido un máximo de 200 por día
Principales actividades económicas en la población más cercana	Pesca y acuicultura	Turismo, pesca, e industria de productos pesqueros.	Turismo	Turismo y pesca
Principales actividades desarrolladas en la zona arrecifal	Pesca	Recreación (natación, snorkel y buceo autónomo), pesca comercial y deportiva	Recreación (natación, snorkel y buceo autónomo)	Recreación (Natación y snorkel), pesca comercial y deportiva

Tabla 5. Distancia de la costa, distancia de la población más cercana, número de habitantes (población más cercana), número de turistas / año, principales actividades económicas en la población más cercana, principales actividades desarrolladas en la zona arrecifal

(DIGAOHM-SEMAR, s.f.; INECC, 1997; INECC 2000; INEGI, 2010)

6. METODOLOGÍA

Muestreo

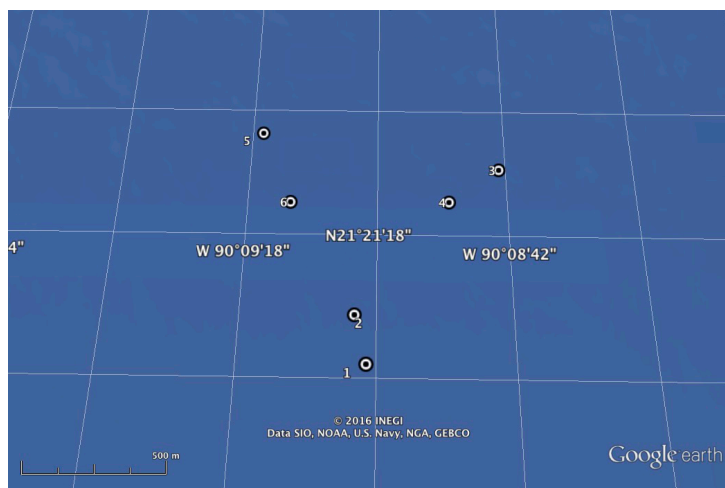
Las muestras se colectaron de los primeros cinco centímetros superficiales del sedimento (o hasta donde fuese posible por las características del suelo), usando un nucleador de polipropileno de 18 mm de diámetro, en los puntos seleccionados en cada área de interés. El muestreo contempló dos muestras por punto, las cuales se depositaron en tubos estériles de plástico de 50 ml con tapa de rosca. Al momento de la inmersión, los tubos estaban llenos con agua destilada que fue desplazada por la muestra. Cada punto se geolocalizó (posicionó) usando un GPS marca Garmin. Dentro de las variables fisicoquímicas medidas en cada área de muestreo están: temperatura, conductividad, sólidos disueltos totales, salinidad, oxígeno disuelto, pH y potencial redox, lo anterior usando una sonda multiparamétrica marca YSI (anexo A). Las muestras se transportaron en un baño de hielo hasta el laboratorio donde se almacenaron a -20 °C.

Arrecife Sisal

Se colectaron muestras en seis (6) puntos al noreste del arrecife. Para la selección de los puntos de muestreo, se tomó un punto al azar sobre el borde del arrecife “punto 1”, y a partir de este, se realizó una triangulación para los puntos 3 y 5 con una arista de aproximadamente 1000 m. A partir de cada vértice, se trazó una línea recta de aproximadamente 200 m hacia el centro del triángulo para los puntos 2, 4 y 6. El número de muestras fue definido arbitrariamente. Por el tipo de suelo, el sedimento colectado fue superficial.

Punto	Muestras	Latitud	Longitud
1	1-2	21°21'1.15"N	90° 9'1.15"O
2	3-4	21°21'7.08"N	90° 9'2.75"O
3	5-6	21°21'26.69"N	90° 8'42.89"O
4	7-8	21°21'22.01"N	90° 8'50.01"O
5	9-10	21°21'31.77"N	90° 9'16.34"O
6	11-12	21°21'21.83"N	90° 9'11.90"O

Tabla 6. Puntos de muestreo y coordenadas geográficas en el arrecife Sisal



(Google Earth, 2016)

Figura 3. Puntos de muestreo Arrecife Sisal

Parque Nacional Isla Contoy

La colecta en el parque se realizó en 10 puntos. Los lugares de muestreo seleccionados hacen parte de las zonas de monitoreo establecidas por la CONANP. Se delimitaron tres zonas, la primera en el Otro Islache (fuera del parque, puntos 1 y 2), la segunda en Islache (dentro del parque, puntos 3,4 y 5), y la tercera alrededor de la isla: tres puntos en la costa oeste (8, 9 y 10) y dos en la punta sur (6 y 7).

Punto	Muestras	Latitud	Longitud
1	55-56	21°24'42.9"N	86°46'46.8"O
2	57-58	21°24'57.4"N	86°46'50.4"O
3	59-60	21°25'52.1"N	86°46'55.7"O
4	61-62	21°26'12.2"N	86°46'58.2"O
5	63-64	21°26'05.0"N	86°46'56.0"O
6	65-66	21°27'30.1"N	86°46'59.8"O
7	67-68	21°27'22.8"N	86°47'13.0"O
8	71-72	21°29'19.9"N	86°47'57.1"O
9	73-74	21°30'58.3"N	86°48'11.4"O
10	75-76	21°28'31.4"N	86°47'31.0"O

Tabla 7. Puntos de muestreo y coordenadas geográficas en el Parque Nacional Isla Contoy



(Google Earth, 2016)

Figura 4. Puntos de muestreo en el Parque Nacional Isla Contoy

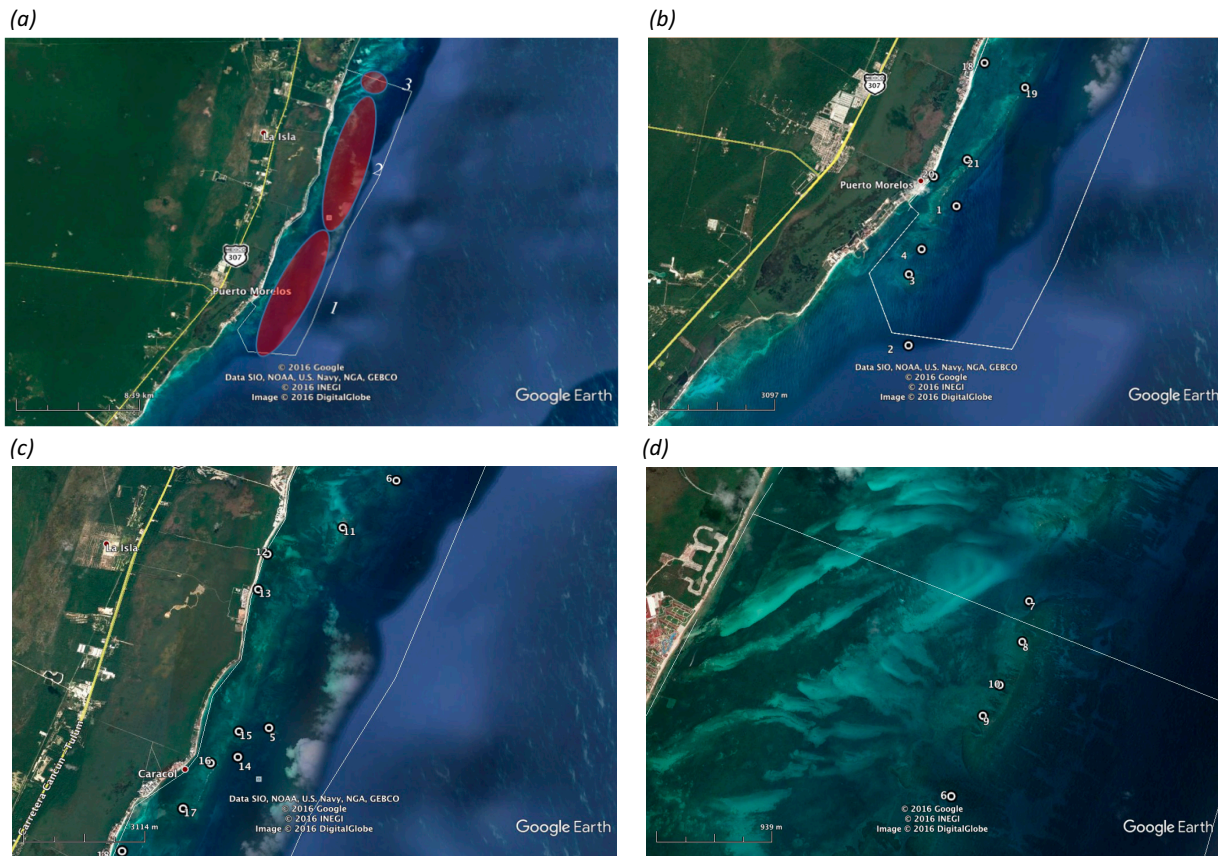
Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos

Se tomaron muestras en 21 puntos del arrecife. Los puntos de muestreo seleccionados hacen parte de las zonas de monitoreo establecidas por la CONANP. Se delimitaron 3 zonas: la primera entre Puerto Morelos y Tanchacte (puntos de 1 a 4 y de 18 a 21), la segunda entre Tanchacte y Manchones (puntos 5, 6 y de 11 a 17) y la tercera en Limones (puntos de 7 a 10).

Punto	Muestras	Latitud	Longitud
1	13-14	20°50'34.1"N	86° 51'56.9"O
2	15-16	20°48'27.7"N	86° 52'30.2"O
3	17-18	20°49'29.5"N	86° 52'36.2"O
4	19-20	20°49'52.7"N	86° 52'26.4"O
5	21-22	20°54'45.0"N	86° 49'42.9"O
6	23-24	20°58'41.9"N	86° 48'05.6"O
7	25-26	20°59'39.1"N	86°47'45.8"O
8	27-28	20°59'26.6"N	86°47'47.3"O
9	29-30	20°59'4.3"N	86°47'58.0"O
10	31-32	20°59'13.4"N	86°47'53.5"O

Punto	Muestras	Latitud	Longitud
11	33-34	20°57'52.6"N	86°48'52.6"O
12	35-36	20°57'21.7"N	86°50'1.2"O
13	37-38	20°56'48.2"N	86°50'6.2"O
14	39-40	20°54'17.4"N	86°50'8.3"O
15	41-42	20°54'39.6"N	86°50'9.8"O
16	43-44	20°54'10.1"N	86°50'32.3"O
17	45-46	20°53'29.3"N	86°50'52.2"O
18	47-48	20°52'49.1"N	86°51'41.8"O
19	49-50	20°52'29.1"N	86°50'60.0"O
20	51-52	20°50'59.1"N	86°52'21.2"O
21	53-54	20°51'17.1"N	86°51'50.5"O

Tabla 8. Puntos de muestreo y coordenadas geográficas en el Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos



(Google Earth, 2016)

Figura 5. Puntos de muestreo Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos (a) zonas: 1. Puerto Morelos y Tanchacte, 2. Tanchacte y Manchones y 3. Limonas, (b) zona 1, (c) zona 2 y (d) zona 3

Arrecife Akumal

La colecta fue en 14 puntos del arrecife. Ocho de los puntos del muestreo seleccionados, hacen parte de un monitoreo continuo por parte del Centro Ecológico Akumal, los otros seis puntos se seleccionaron a conveniencia. Se establecieron tres zonas: Bahía de Akumal (puntos de 1 a 6), Bahía de Media Luna (puntos 7 y 8) y la zona profunda (puntos de 9 a 14).

Punto	Muestras	Latitud	Longitud
1	77-78	20°23'15.9"N	87°19'06.8"O
2	79-80	20°23'28.0"N	87°19'07.3"O
3	81-82	20°23'27.3"N	87°18'55.2"O
4	83-84	20°23'36.3"N	87°18'53.4"O
5	85-86	20°23'35.3"N	87°18'44.5"O
6	87-88	20°23'44.6"N	87°18'46.0"O
7	89-90	20°24'10.7"N	87°18'25.5"O
8	91-92	20°24'19.6"N	87°18'21.3"O
9	93-94	20°23'28.8"N	87°18'27.2"O
10	95-96	20°24'04.5"N	87°18'05.7"O
11	97-98	20°24'44.5"N	87°17'50.2"O
12	99-100	20°24'10.9"N	87°18'13.2"O
13	101-102	20°23'32.1"N	87°18'31.1"O
14	103-104	20°23'02.0"N	87°19'01.0"O

Tabla 9. Puntos de muestreo y coordenadas geográficas en el Arrecife Akumal



(Google Earth, 2016)

Figura 6. Puntos de muestreo Arrecife Akumal.

Extracción de ADN

Método de extracción

Para la extracción del ADN metagenómico de las muestras se siguió el procedimiento de lisis *in situ* y absorción en sílice desarrollado por el Dr. Rafael Rojas Herrera (Rojas *et al.*, 2008).

Verificación de la extracción

Para evaluar la presencia e integridad del ADN extraído, el ADN resuspendido obtenido en las diferentes extracciones, se mezcló como se describe a la tabla 10 y posteriormente se realizó una electroforesis en la que se corrieron 2 µL de cada muestra en un gel de agarosa al 1%. El marcador de peso molecular empleado fue de 1 kb.

Muestra Final (mezcla)	Muestras iniciales
A (Sisal)	1-12
B (Puerto Morelos 1)	13-20 y 47-54
C (Puerto Morelos 2)	21-24 y 33-46
D (Puerto Morelos 3)	25-32
E (Isla Contoy 1)	55-58
F (Isla Contoy 2)	59-64
G (Isla Contoy 3)	65-68 y 71-76
H (Akumal 1)	77-88
I (Akumal 2)	89-92
J (Akumal 3)	93-104

Tabla 10. Composición de las muestras finales

Cuantificación del ADN

Para la cuantificación de las muestras se siguió el protocolo del fabricante de cada equipo.

- Fluorómetro Quantus™: Cuantificación específica para ácidos nucleicos usando fluorescencia. La cuantificación se realizó con 1 µl de muestra.
- Espectrofotómetro NanoDrop®: Cuantificación de ácidos nucleicos usando la absorbancia, y la relación de las medidas a dos longitudes de onda (260/280) como medida de pureza. Se emplearon 2 µl de cada muestra.

Secuenciación

La secuenciación se llevó a cabo como un servicio externo en el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (LANGEBIO). La plataforma de Secuenciación usada fue por Síntesis (SBS), con el sistema MiSeq de Illumina. Se contrataron los servicios de generación del Amplicon 16S y sus respectivas bibliotecas, y la corrida de la secuenciación en el formato 2x300.

Cebadores usados para la generación del Amplicon 16S:

```
357F 5'CTCCTACGGGAGGCAGCAG 3'  
CD (R) 5'CTTGTGCGGGCCCCCGTCAATTC3'
```

Los resultados de la secuenciación se entregaron en formato fastq.

Manejo de las secuencias

Las secuencias entregadas por el laboratorio contratado para la amplificación y secuenciación, se sometieron a un control de calidad inicial y uno posterior a un tratamiento aplicado a estas; el tratamiento incluyó la unión de los finales pareados, un filtro de calidad basados en la escala de Phred y la eliminación de los cebadores e iniciadores usados para la secuenciación

Control de calidad de secuencias

Se realizó un primer control de calidad a las secuencias, usando la aplicación FastQC del proyecto de bioinformática del Instituto Babraham (Babraham Institute, 2016). También se efectuó un nuevo análisis de calidad a las secuencias obtenidas después de realizar el tratamiento de limpieza y corte de iniciadores.

En el control de calidad existen tres posibles calificaciones para cada parámetro evaluado: Si los resultados cumple con los valores esperados, se indicará con un símbolo de color verde (✅), si los resultados cumplen parcialmente, se generará un aviso de color amarillo (⚠️), y si los resultados no corresponden a lo esperado, se considerará un fallo indicado con un símbolo de color rojo (❌).

Unión de secuencias de final pareado (join paired-end).

Por cada muestra secuenciada se generaron dos archivos: forward o R1 y reverse o R2. La unión de cada par de secuencias se hizo usando el programa de acceso público PEAR, distribuido bajo la licencia Creative Commons.

Como resultado de este proceso se generaron cuatro archivos en formato fastq, (I) secuencias ensambladas, (II) secuencias ensambladas pero descartadas por los filtros, y (III y IV) secuencias no ensambladas de R1 y R2. Para los siguientes análisis se usó el archivo de secuencias ensambladas.

Limpieza de secuencias y corte de iniciadores

Se realizó la limpieza de las secuencias usando la herramienta de acceso público PRINSEQ-Lite, se usó como filtro, un valor de calidad Phred de 20. Las lecturas con un valor de calidad igual o mayor a este, se procesaron en la aplicación de acceso público TagCleaner, que permitió predecir marcadores y eliminarlos junto con los cebadores (Schmieder *et al.*, 2010).

Como resultado de este proceso se generó un archivo en formato fastq que contiene las secuencias con valor de calidad Phred mayor o igual a 20, sin secuencias de cebadores ni marcadores expresados.

Clasificación de OTUs y asignación taxonómica.

Para la clasificación taxonómica, el archivo con las secuencias ensambladas, limpias y de buena calidad, se cargó en la plataforma de datos para genómica microbiana aplicada “OneCodex”.

La plataforma permitió trabajar con los resultados en línea, ya que esta ofrece la posibilidad de generar gráficos a diferentes niveles taxonómicos, así como realizar comparaciones entre las muestras, también es posible descargar un informe del análisis en un archivo en formato .xlsx o .csv, que consta de: nombre del organismo, rango (nivel taxonómico), identificación del taxón, porcentaje de lecturas clasificadas, porcentaje de todas las lecturas, número de lecturas y número de lecturas incluidas lecturas “hijas” (lecturas pertenecientes al organismo, pero que fueron asignadas a otros en un nivel taxonómico por debajo del reportado).

Resultados de la clasificación

Composición de las comunidades bacterianas de cada una de las muestras en estudio, en tres niveles taxonómicos.

Para cada muestra, se realizaron gráficos de columnas agrupadas en tres dimensiones, a nivel de filo, clase y género. Los gráficos incluyeron los 10 organismos con mayor número de lecturas clasificadas (abundancia relativa) por nivel y por muestra. Las gráficas se realizaron en Microsoft Excel.

Comparación de las comunidades bacterianas presentes en las 5 muestras.

Se elaboraron gráficos de columnas en tres dimensiones con rotación en los dos ejes de 30° para los niveles de filo y clase. Los gráficos incluyen los 20 organismos con mayor número de lecturas clasificadas (abundancia relativa) por nivel, para las muestras de las cuatro zonas arrecifales en estudio. Las gráficas se realizaron en Microsoft Excel.

Rarificación, índices de diversidad y riqueza taxonómica

Las curvas de rarefacción, la rarefacción de las secuencias clasificadas, y el cálculo de los índices de diversidad y riqueza taxonómica, se realizaron usando el software libre para cómputo y gráficos estadísticos R.

- Curvas de rarefacción

Se realizó una curva de rarificación con todas las muestras, usando la función “raremax” y “rarecurve” en el paquete “vegan”.

- Rarefacción.

Para la rarificación se usó el comando “rrarefy” y el paquete “vegan”, como valor de corte de esfuerzo de muestreo, se tomó el menor número de lecturas clasificadas entre las muestras.

- Índices de diversidad y riqueza taxonómica

Con las muestras rarificadas, en R se calcularon los índices de diversidad Shannon y Simpson, usando el comando “diversity” y el paquete “vegan”. El índice de Pielou se calculó en Microsoft Excel aplicando la fórmula descrita anteriormente para dicho índice (fórmula 3).

La riqueza taxonómica se calculó en R, usando el comando “specnumber” y el paquete “vegan”.

Clúster

Partiendo de las secuencias rarificadas se elaboró un clúster por disimilitud que incluyó los OTUs clasificados en cada una de las muestras, usando el software libre para cómputo y gráficos estadísticos R.

Para el clúster se usaron los comandos “vegdist”, “hclust” y “plot” y los paquetes “ggplot2”, “vegan” y “clustsig”, el índice de disimilitud empleado fue Bray-Curtis, y el método de agrupamiento fue “average”.

Identificación de géneros bacterianos de interés para el ser humano

Dentro de los géneros reportados en cada una de las muestras, se realizaron dos búsquedas direccionadas a la identificación de grupos de bacterias que representan un interés para el ser humano.

La primera búsqueda incluyó géneros de microorganismos a los que pertenecen una o varias especies consideradas agentes etiológicos prominentes, y que son considerados de interés por la Organización Mundial de la Salud y por el Instituto Nacional de Alergias y Enfermedades Infecciosas de los Estados Unidos de Norteamérica. La búsqueda se dirigió a los géneros *Acanthamoeba*, *Acinetobacter*, *Aeromonas*, *Bacillus*, *Bartonella*, *Borrelia*, *Brucella*, *Burkholderia*, *Campylobacter*, *Chlamydia*, *Clostridium*, *Coxiella*, *Ehrlichia*, *Escherichia*, *Flavobacterium*, *Francisella*, *Helicobacter*, *Legionella*, *Listeria*, *Mycobacterium*, *Pseudomonas*, *Rickettsia*, *Salmonella*, *Serratia*, *Shigella*, *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Vibrio* y *Yersinia*.

La segunda búsqueda incluyó géneros de microorganismos a los que pertenecen una o varias especies con aplicaciones biotecnológicas, estos son organismos que representan un valor actual o potencial en diferentes industrias, así como en la conservación y recuperación de ecosistemas. En total se buscaron 35 géneros que en han sido reportados en la literatura con actividad metabólica de interés tales como: *Algiphilus*, *Bacillus*, *Bdellovibrio*, *Burkholderia*, *Clostridium*, *Comamonas*, *Corynebacterium*, *Cycloclasticus*, *Desulfovibrio*, *Geobacter*, *Gluconobacter*, *Kocuria*, *Luteibacter*, *Lysobacter*, *Micromonospora*, *Paenibacillus*, *Phaeobacter*, *Pseudomonas*, *Pseudonocardia*, *Pseudovibrio*, *Ralstonia*, *Rhodobacter*, *Roseobacter*, *Ruegeria*, *Shewanella*, *Sphingomonas*, *Streptococcus*, *Streptomyces*, *Thalassospira*, *Thioalkalivibrio*, *Vibrio* y *Xanthomonas*.

7. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Extracción de ADN

Verificación de la extracción de ADN

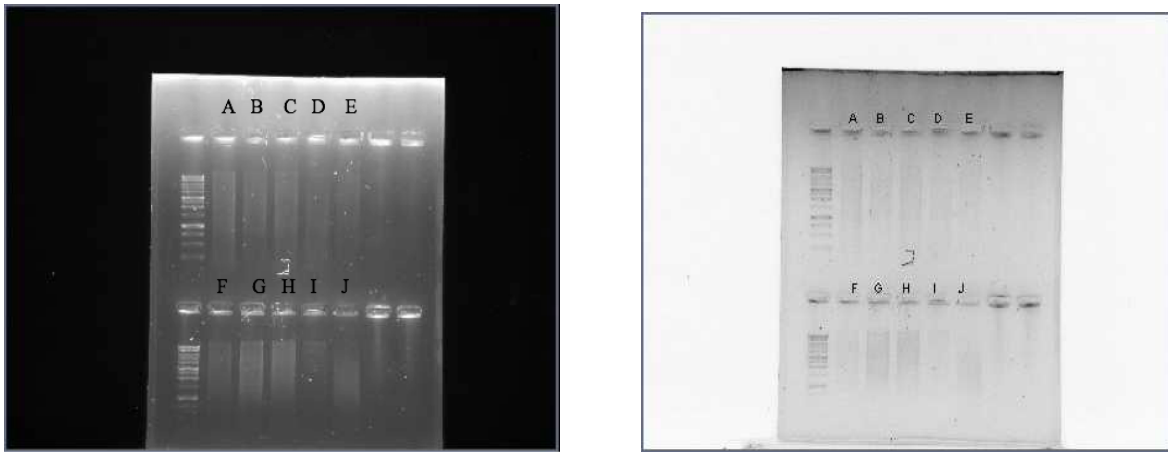


Figura 7. Gel de agarosa al 1% para las muestras finales: A (Arrecife Sisal), B (Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos zona 1), C (Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos zona 2), D (Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos zona 3), E (Parque Nacional Isla Contoy zona 1), F (Parque Nacional Isla Contoy zona 2), G (Parque Nacional Isla Contoy zona 3), H (Arrecife Akumal zona 1), I (Arrecife Akumal zona 2) y J (Arrecife Akumal zona 3)

Las bandas presentes en cada uno de los carriles de corrida para cada muestra, aunque no muy definidas, son evidencia positiva a la presencia de ADN. La baja definición de las bandas puede ser atribuible a las bajas concentraciones del ADN extraído (concentraciones reportadas en la tabla 11), y/o a la posible variedad de tamaños de los fragmentos de ADN. (Jackson C. *et al.*, 2000).

Cuantificación del ADN extraído

La diferencia en las concentraciones reportadas por los equipos empleados para la cuantificación del ADN extraído (tabla 11), se debe a los fundamentos de operación de cada equipo; mientras que el espectrofotómetro considera cualquier molécula que absorba a 260 nm incluidos los ácidos nucleicos (nucleótidos, ARN, ADNss y ADNds) (Thermo Scientific, 2013), el fluorómetro mide únicamente la fluorescencia que emiten las moléculas de ADNds unidas al marcador (Promega, s.f.), por lo que el resultado de la concentración obtenido por este último es específica y es el de nuestro interés.

Muestra	Fluorómetro	Espectrofotómetro	
	Concentración (ng/μl)	Concentración(ng/μl)	260/280
Sisal	8.4	66.6	1.41
Puerto Morelos 1	5.8	75.1	1.29
Puerto Morelos 2	6.5	84.1	1.35
Puerto Morelos 3	4	80.7	1.34
Isla Contoy 1	5.4	36.7	1.44
Isla Contoy 2	6.5	52.9	1.37
Isla Contoy 3	12	75.6	1.35
Akumal 1	11	72.8	1.5
Akumal 2	4.4	33.6	1.32
Akumal 3	9.1	92.7	1.41

Tabla 11. Concentración de ADN en muestras finales, medida en dos equipos. Fluorómetro que determina concentración y NanoDrop que determina concentración y relación 260/280.

El espectrofotómetro permite establecer relaciones de longitud de onda que indican la posible presencia de contaminantes como proteínas, fenol u otras moléculas que absorben cerca de los 280 nm (Thermo Scientific, 2013). Un valor de esta relación aceptado como buena calidad o pureza es de 1.8 para muestras de ADN. Como los valores obtenidos estaban por debajo de este valor, indicaban que su pureza no era óptima, por lo que se realizó la purificación de las muestras usando el kit de purificación de ADN Wizard Genomic; sin embargo, los resultados de la electroforesis en los geles de agarosa para las soluciones purificadas, indicaron ausencia total de ADN, por lo que se tomó la decisión de continuar trabajando con el ADN sin purificar.

Secuenciación

El laboratorio contratado reporto que cinco de las 10 muestras enviadas no amplificaron, por lo que no se generaron las bibliotecas. La relación de las muestras que fueron posibles correr en la secuenciación se reportan en la tabla 12.

Muestra	Resultado Amplicon
Sisal	Positivo
Puerto Morelos 1	Positivo
Puerto Morelos 2	Negativo
Puerto Morelos 3	Negativo
Isla Contoy 1	Negativo
Isla Contoy 2	Negativo

Muestra	Resultado Amplicon
Isla Contoy 3	Positivo
Akumal 1	Positivo
Akumal 2	Positivo
Akumal 3	Negativo

Tabla 12. Relación de muestras que amplificaron e identificación de la biblioteca

Con el muestreo planteado, se esperaban obtener resultados que permitieran establecer la estructura de la comunidad bacteriana en tres áreas diferentes, definidas dentro de las zonas arrecifales de Isla Contoy, Puerto Morelos y Akumal, y una única área en Sisal; así mismo, ver cómo era el comportamiento espacial en las cuatro zonas. Los resultados reportados de la amplificación, atribuibles a la concentración y calidad de las muestras enviadas, limitaron el análisis de Isla Contoy, Puerto Morelos y Sisal a un área, y Akumal en dos. Los resultados de Sisal comprenden a toda la zona noreste del arrecife muestreada, de Isla Contoy a la zona alrededor de la isla, la de Puerto Morelos a la zona correspondiente entre la población de Puerto Morelos y Tanchacte, y de Akumal a las Bahías de Akumal y Media Luna, que para efectos de este análisis de ahora en adelante se trataran independientemente.

Manejo de las secuencias

Control de calidad de secuencias sin procesar.

Parámetro	Sisal		Isla Contoy		Puerto Morelos		Bahía de Akumal		Bahía Media Luna	
	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2	R1	R2
Total de secuencias	278949	278949	533096	533096	251221	251221	116087	116087	79845	79845
Longitud de secuencias	35-301	35-301	35-301	35-301	35-301	35-301	35-301	35-301	35-301	35-301
Calidad por Bases										
Valor de calidad por secuencia										
Contenido de CG por secuencia										
Contenido de N por bases										
Contenido de adaptador										

Tabla 13. Resultados del control de calidad efectuado a las secuencias de final pareado, obtenidas de la secuenciación

La calidad de las secuencias tanto en “forward” como en “reverse”, entregadas por el laboratorio contratado se muestran en la tabla 13.

Unión de las secuencias de final pareado (join paired-end).

Muestra	Secuencias iniciales	Secuencias descartadas	Secuencias ensambladas	% de secuencias ensambladas
Sisal	278949	22301	130775	46.88
Isla Contoy	533096	194075	317667	59.59
Puerto Morelos	251221	47579	94138	37.47
Bahía Akumal	116087	11955	31986	27.55
Bahía Media Luna	79854	7463	20440	25.60

Tabla 14. Resultados obtenidos del ensamble de secuencias R1 y R2 para cada muestra. Secuencias iniciales por muestra, secuencias descartadas (por no cumplir con los filtros), secuencias ensambladas y porcentaje que representan las secuencias ensambladas.

El programa usado para la unión, evalúa los posibles sobrelapes de los extremos pareados sin importar el tamaño de los fragmentos diana, e incluye una prueba estadística (probabilidad de hipótesis nula) que se basa en las puntuaciones de alineación esperadas con las observadas, para minimizar los falsos positivos, la tasa de los falsos positivos es del orden de 0.48 % con un valor de significancia del 1 % (Zhang J. *et al.*, 2014).

Limpieza de secuencias y corte de iniciadores y cebadores.

Tras la aplicación del filtro de calidad con un valor Phred de 20, se observa una disminución en el número de secuencias en los diferentes muestras, al igual que una disminución en la longitud de las secuencias con el corte de iniciadores y cebadores (tabla 15).

Muestra	Secuencias ensambladas	Secuencias con valor Phred \geq 20	Longitud de las secuencias con iniciadores y cebadores	Longitud de las secuencias sin iniciadores y cebadores
Sisal	130775	115098	50-592	19-592
Isla Contoy	317667	101134	50-590	20-589
Puerto Morelos	94138	85944	50-592	23-592
Bahía de Akumal	31986	30659	50-592	21-592
Bahía Media Luna	20440	19945	50-592	24-592

Tabla 15. Resultados obtenidos de la limpieza de las secuencias usando un valor de 20 en la escala de Phred y longitud de las secuencias antes y después del corte de indicadores y cebadores

Control de calidad de secuencias tratadas.

El control de calidad aplicado a las secuencias obtenidas de la secuenciación, sugieren que, las lecturas obtenidas en la corrida hacia delante (*forward*) presentan una mejor calidad que las obtenidas en la corrida en reversa (*reverse*) (tabla 13). Los fallos y advertencias arrojados (tanto en *forward* como en *reverse*) (ver anexo C para valores de referencia de fallos y advertencias), posiblemente son atribuidos a la pérdida de calidad asociada a la longitud de la secuencias y/o a contaminaciones con dímeros de los adaptadores (Babraham Institute, 2016), lo cual se resolvió realizando filtros de calidad en función de la calidad media, en simultaneo con la eliminación de los adaptadores y cebadores. Las secuencias resultantes de la fusión, los filtros de calidad y la eliminación de los adaptadores, mostraron mejoría en la calidad de: los valores de calidad por secuencia, en la calidad de las secuencias por bases y en el contenido de N por bases (tabla 16). Sin embargo, con estos tratamientos se generaron perdidas de secuencias de entre un 58 % a un 81 % (tabla 14).

Parámetro	Sisal	Isla Contoy	Puerto Morelos	Bahía de Akumal	Bahía Media Luna
Total de secuencias	115098	101134	85944	30659	19945
Longitud de secuencias	19 – 592	20 – 589	23 – 592	21 – 592	24 – 592
Calidad por Bases	⚠	✅	⚠	⚠	⚠
Valor de calidad por secuencia	✅	✅	✅	✅	✅
Contenido de CG por secuencia	❌	⚠	❌	❌	❌
Contenido de N por bases	✅	✅	✅	✅	✅
Contenido de adaptador	✅	✅	✅	✅	✅

Tabla 16. Resultados del control de calidad efectuado a las secuencias obtenidas del ensamble de R1 y R2, de la eliminación de las secuencias con una calidad en la escala de Phred menor a 20 y de la eliminación de iniciadores y cebadores.

Clasificación taxonómica y obtención de OTUs

La plataforma usada para la clasificación taxonómica, clasifica las lecturas de nucleótidos comparando los “k-mer” de 31 bp contra una base de datos de bacterias, virus y hongos (incluye la base de datos de One Codex expandida con aproximadamente 40 000 genomas y la base de datos de referencia RefSeq del NCBI de aproximadamente 8 000 genomas microbianos). Debido a que no todos los k-mer son exclusivos de una determinada especie o cepa, cada uno se

clasifica al ancestro común más cercano en un árbol filogenético. Por último, a cada secuencia se le asigna la ID taxonómica (Minot *et al.*, 2015).

Muestra	Secuencias ingresadas	Secuencias clasificadas	% de secuencias clasificadas
Sisal	115098	112624	97.85
Isla Contoy	101134	9650	9.54
Puerto Morelos	85944	81899	95.29
Bahía de Akumal	30659	29306	95.59
Bahía Media Luna	19945	19038	95.45

Tabla 17. Total de lecturas cargadas en OneCodex por muestra, lecturas clasificadas y porcentaje que representan las lecturas clasificadas.

Aunque el porcentaje de lecturas clasificadas supera el 95 % para las muestras de Sisal, Puerto Morelos, Bahía de Akumal y Bahía Media Luna, para Isla Contoy la clasificación no supera el 10 % de las lecturas iniciales (tabla 17), a pesar de ser la muestra con mejor calidad de secuencias tras el análisis en FastQC después de la fusión. Para descartar cualquier tipo de falla asociada al programa usado para la asignación y su base de datos de referencia, se cargaron las secuencias de la muestra de Isla Contoy en el sistema de asignación taxonómica “Kraken” y los resultados obtenidos dieron 8.39% de lecturas clasificadas, lo que sugiere que el bajo valor de secuencias clasificadas es resultado de la naturaleza inherente de las mismas. Si se tiene en cuenta la calidad de las lecturas obtenidas de la secuenciación (tabla 13), se observa que son las que arrojaron los resultados menos favorables tanto en *forward* como en *reverse*, comparadas con las de las otras muestras.

Resultados de la clasificación

Composición de las comunidades bacterianas de cada una de las muestras en estudio, en tres niveles taxonómicos

De 1 259 207 secuencias obtenidas en la secuenciación para las cinco muestras, y tras su tratamiento, 252 517 fueron clasificadas taxonómicamente en un total de 2093 OTUs. Incluyendo los candidatos a filo, la composición de la comunidad bacteriana fue representada por 56 filos en Puerto Morelos y en Sisal, 55 filos en la Bahía de Media Luna y en la Bahía de Akumal, y 47 filos en Isla Contoy. Los filos con mayor abundancia relativa en las cinco muestras son Proteobacterias, Actinobacterias, Bacteroidetes, Planctomycetes y Firmicutes (figuras 8, 9, 10, 11 y 12). Aunque existen algunas variaciones en la distribución de los porcentajes que

representan dentro de cada una de las muestras, suman más del 90% de las lecturas asignadas a los diferentes filos en ellas. Se resalta la participación de Cianobacteria como el cuarto grupo con mayor abundancia relativa en Sisal, y con baja participación (< 0.85%) en el resto de las muestras.

Proteobacteria es el filo dominante en las cinco muestras y es uno de los más prominentes en los ecosistemas marinos, y abarca a varios de los principales organismos heterótrofos identificados en las zonas costeras (Stevens *et al.*, 2005). La mayoría de integrantes de este filo son aerobios, y a él pertenecen muchas de las bacterias asociadas a la fijación de nitrógeno (Abed *et al.*, 2010; Chen *et al.*, 2003; Dixon & Kahn, 2004; Zehr *et al.*, 1995), así como varios patógenos (Vos & Didelot, 2009; Wu *et al.*, 2014). Se dividen en 6 clases, alpha (α), beta (β), gamma (γ), delta (δ), épsilon (ϵ) y zeta (ζ).

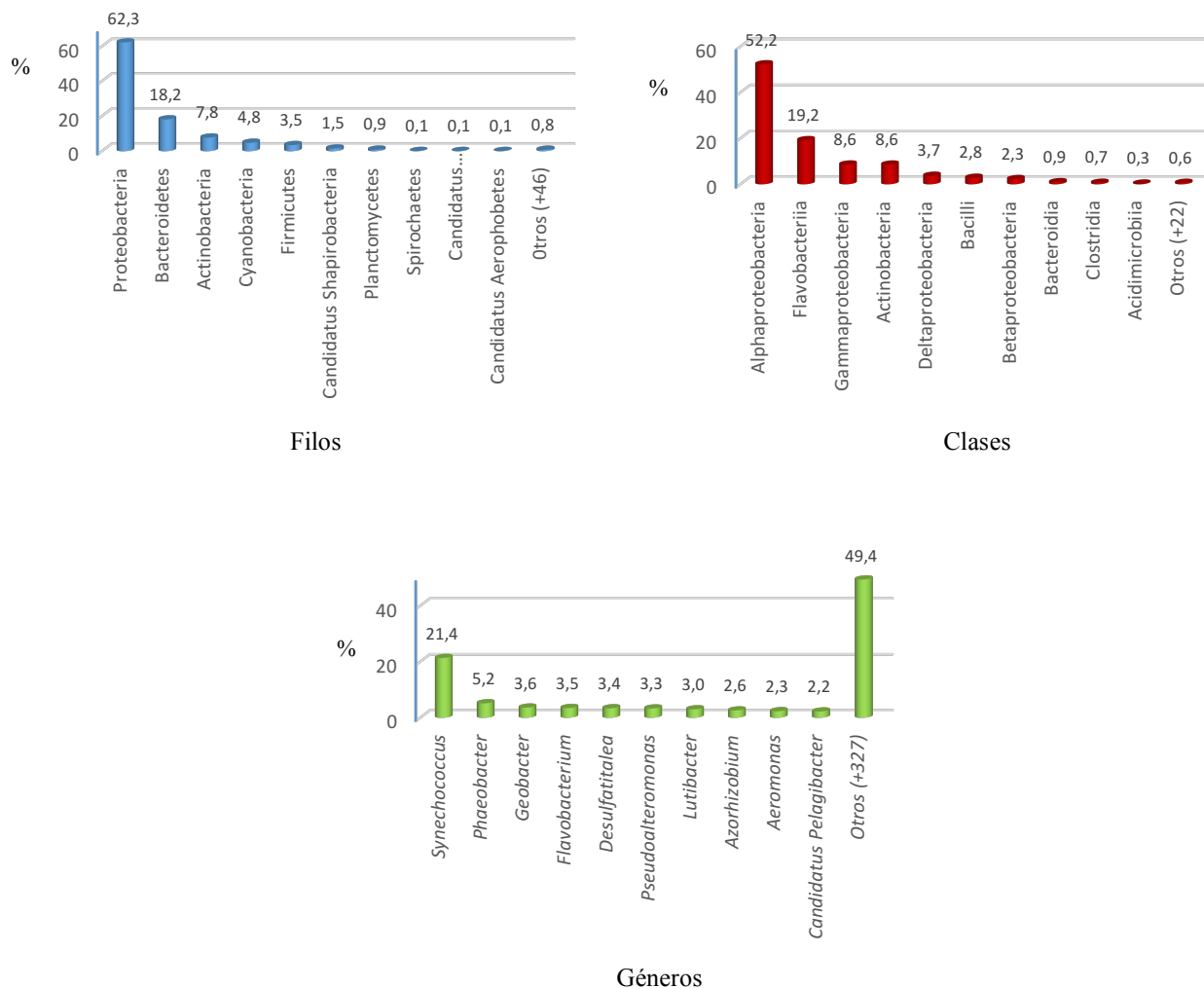


Figura 8. Composición de la comunidad bacteriana del sedimento asociado a la zona arrecifal del arrecife de Sisal, en los niveles taxonómicos de filo, clase y género.

Dentro de las Proteobacteria, las Alphaproteobacteria, son las de mayor presencia en todas las muestras. Estas son un grupo de bacterias muy diversas que incluye organismos de interés médico y ambiental (Collier, 2016). Su metabolismo puede ser de tipo fototrófico, oligotrófico o quimiotrófico (Barton *et al.*, 2015; Dang *et al.*, 2010; Heald *et al.*, 2001; Zhao *et al.*, 2007). En segundo lugar en la Bahía de Akumal, Puerto Morelos y Sisal, están las Gammaproteobacteria, éstas se puede dividir en dos grupos, las heterótrofas y las fotoautótrofas, varias de ellas como las *Methylococcaceae* usan el metano (un gas de invernadero) como fuente de carbono y energía (Roalkvam *et al.*, 2011; Sharp *et al.*, 2014), por lo que son usadas en biorremediación y en algunas aplicaciones industriales; de esta clase también hacen parte varios géneros patógenos importantes como *Salmonella*, *Escherichia*, *Yersinia*, *Legionella* y *Vibrio* (Marinus & Casadesus, 2009). En la Bahía de Media Luna y en Isla Contoy, las que ocupan el segundo lugar dentro de las Proteobacteria son las Delta, las cuales son muy comunes en el ambiente, y en su mayoría son reductoras de sulfato, ejemplos de ellas son los géneros *Desulfosarcina* y *Desulfococcus* (Jensen *et al.*, 2007; Roalkvam *et al.*, 2011), por lo que son relevantes dentro del ciclo del azufre. Las Epsilonproteobacteria se reportaron en las cinco muestras, con porcentajes menores a 0.69 %. Las Zetaproteobacteria con porcentajes menores a 0.05 %, se encuentran en todas las muestras menos en Isla Contoy; esta clase ha sido relacionada a zonas con altas concentraciones de hierro y actividad volcánica, a ella pertenece la especie *Mariprofundus ferrooxydans* (McAllister *et al.*, 2011).

Actinobacteria es un filo de bacterias que tienen un papel importante en la descomposición de la materia orgánica, ya que pueden descomponer gran cantidad de moléculas como la quitina y la celulosa (de Vries *et al.*, 2015). Tienen una distribución extensa alrededor del planeta, y son muy comunes en ambientes terrestres y acuáticos incluyendo los marinos (Ventura *et al.*, 2007). Algunos de ellos se reportan como patógenos, tal como *Mycobacterium* (Brown & Wallace, 2002); otros tantos, tienen la capacidad de producir una amplia variedad de metabolitos secundarios, que tienen características útiles en la industria farmacéutica, como antibióticos, especialmente los del género *Streptomyces* (Ventura *et al.*, 2007). A este filo pertenecen las clases Actinobacteria, Acidimicrobiia, Coriobacteriia, Thermoleophilia, Rubrobacteria y Nitrospirae, las tres primeras están representadas en las cinco muestras, Thermoleophilia se reportó en Isla Contoy con una baja participación y las dos últimas no fueron identificadas en ninguna muestra.

La clase Actinobacteria, es la que mayor porcentaje de lecturas asignadas presenta en la muestra de Isla Contoy, y se encuentra después de las Alphaproteobacteria en las muestras de la Bahía de Akumal, la Bahía de Media Luna y en Puerto Morelos. Esta clase comparte las

características ya descritas para el filo al que pertenece. Juega un papel importante en la degradación y reciclaje de varios compuestos en el ambiente como hidrocarburos y celulosa (De Pasquale *et al.*, 2012; Heald *et al.*, 2001; Pankratov *et al.*, 2006).

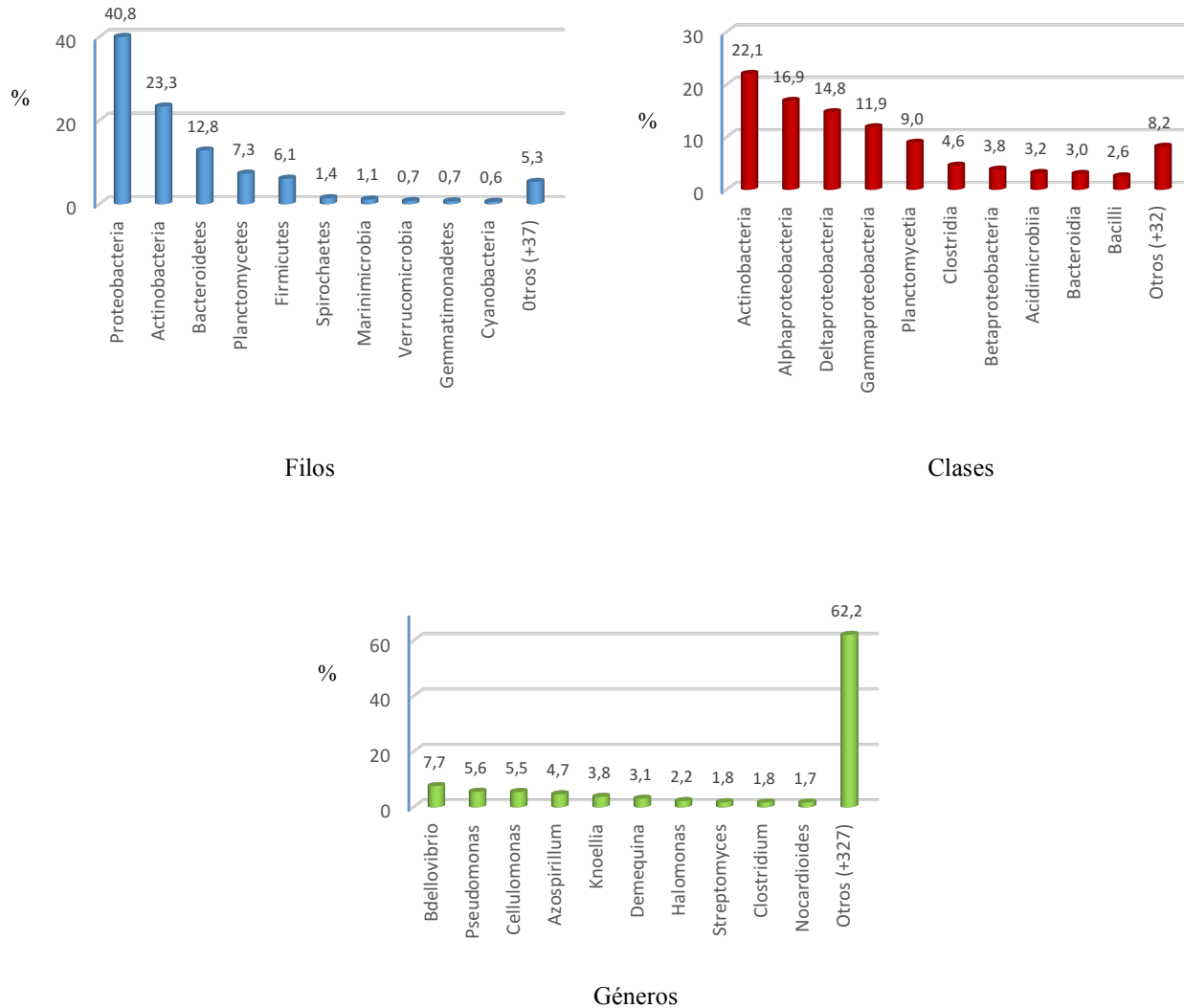


Figura 9. Composición de la comunidad bacteriana del sedimento asociado a la zona arrecifal del Parque Nacional Isla Contoy, en los niveles taxonómicos de filo, clase y género.

Bacteroidetes, junto con Proteobacteria son los filos dominantes en los ecosistemas marinos (Stevens *et al.*, 2005). Son bacterias heterótrofas anaerobias (O'Sullivan *et al.*, 2004), se encuentran ampliamente distribuidas en el ambiente, con abundancia en el suelo y en sedimentos marinos (Yoon & Kasai, 2014). Algunas de estas bacterias, en específico del género *Bacteriodes* se encuentran en las heces de los animales de sangre caliente, y son considerados

como patógenos oportunistas (Belzer & de Vos, 2012; Vierheilig *et al.*, 2012). A este filo pertenecen cuatro clases, Flavobacteria, Bacteroidia, Sphingobacteria y Cytophagia. Las dos primeras se reportan en las cinco muestras, las otras dos aparecen en algunas muestras con una participación muy baja.

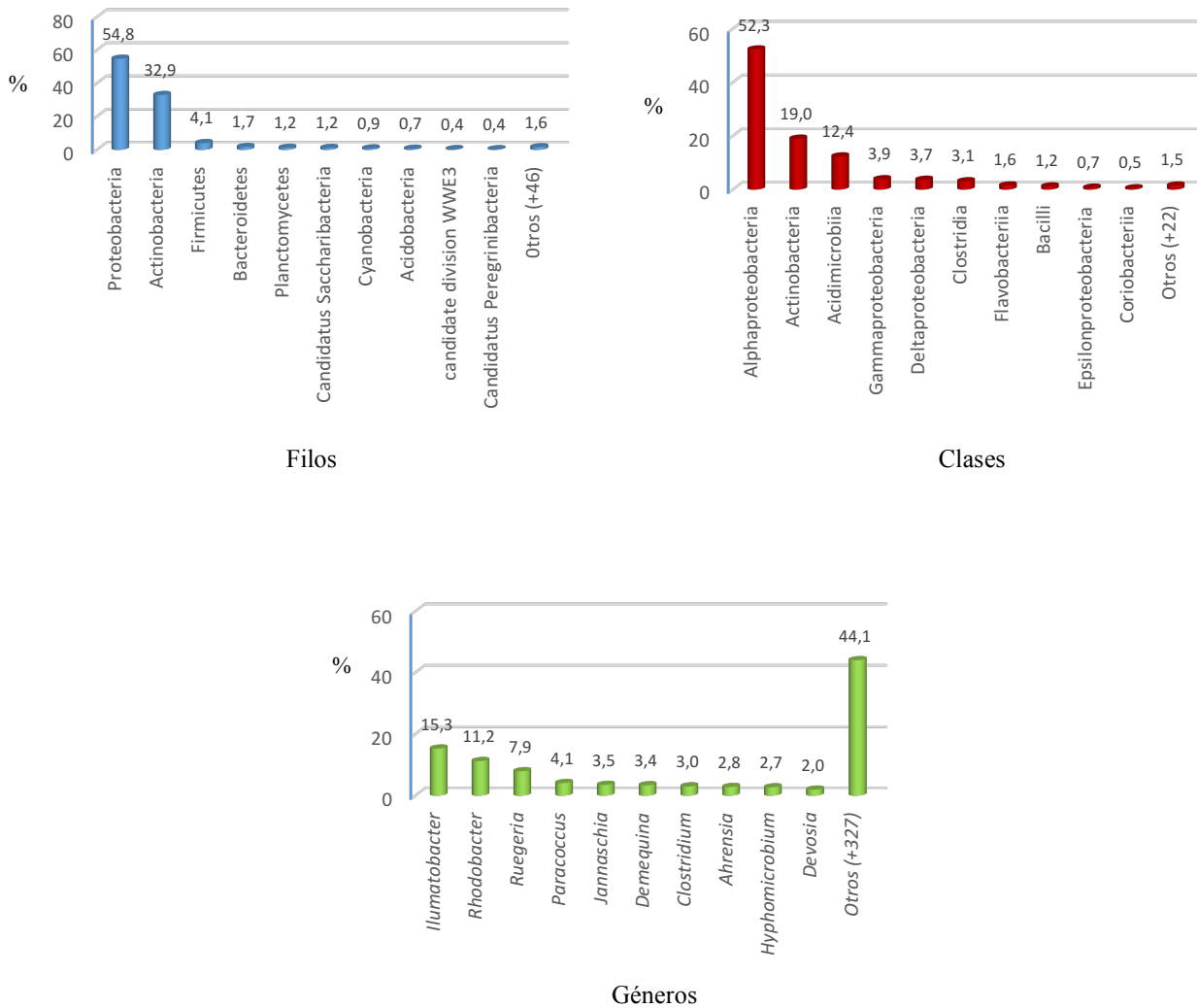


Figura 10. Composición de la comunidad bacteriana del sedimento asociado a la zona arrecifal de Puerto Morelos, en los niveles taxonómicos de filo, clase y género.

En la muestra de Sisal, las Flavobacteria tienen una alta presencia al ser la segunda clase con mayor número de lecturas asignadas después de las Alfabroteobacteria. Esta clase es común en muestras ambientales y aunque la mayoría son aerobias (Abell & Bowman, 2005; Banning *et al.*, 2010) también hacen parte de la microflora intestinal humana (Bäckhed *et al.*, 2005). Son

quimioorganotróficas, con una alta capacidad para la degradación de biopolímeros (Kirchman, 2002; Madetoja *et al.*, 2003). Su abundancia relativa mayor en la muestra de Sisal podría deberse a que el sedimento aquí colectado, fue más superficial que en las otras zonas, como se mencionó en el muestreo.

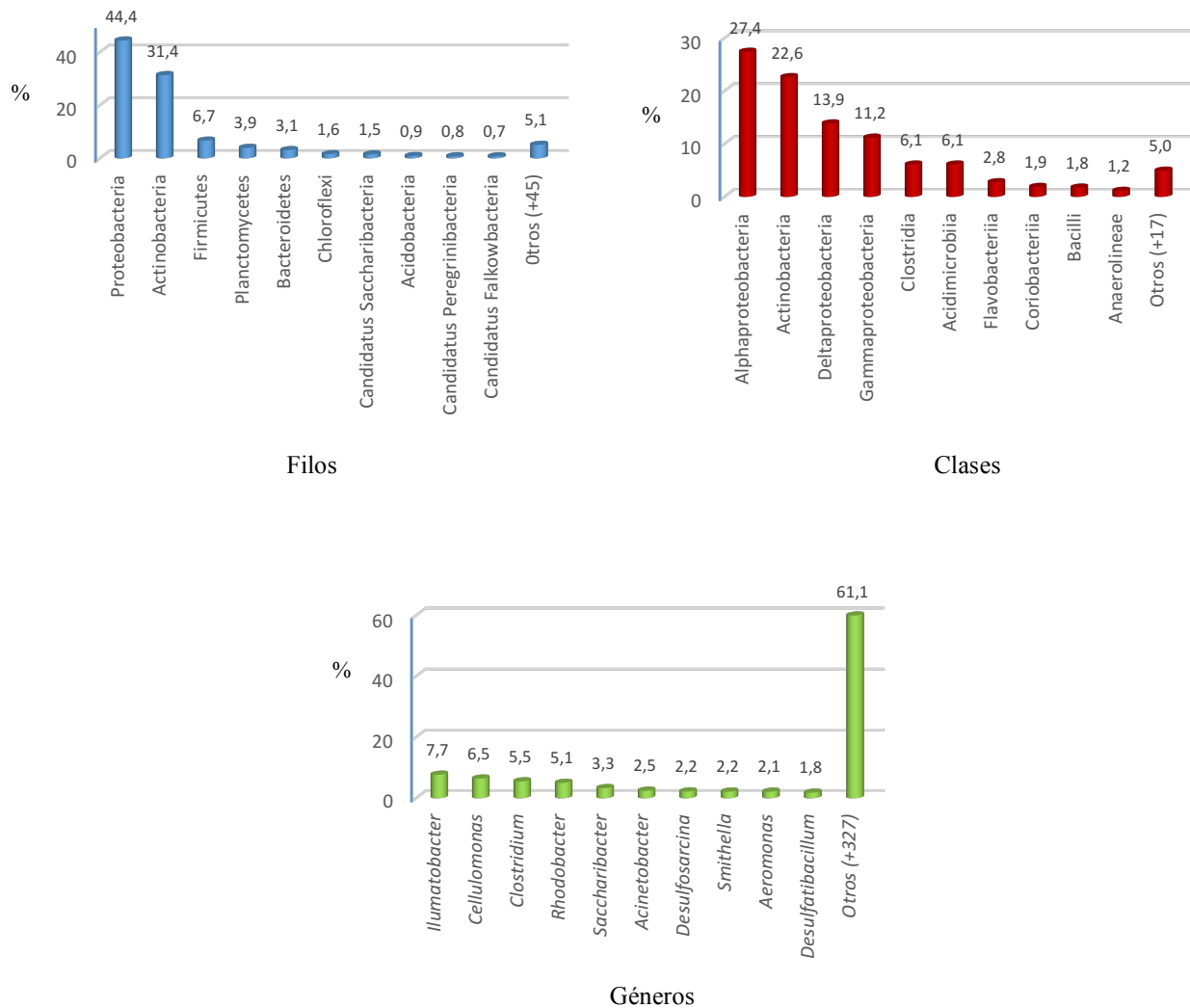


Figura 11. Composición de la comunidad bacteriana del sedimento asociado a la zona arrecifal la Bahía de Media Luna, en los niveles taxonómicos de filo, clase y género.

Planctomycetes es un filo de bacterias omnipresentes en el medio ambiente marino (Izumi *et al.*, 2013; Fuchsman *et al.*, 2012) tanto en el sedimento, como en el agua, y asociados a otros organismos como corales, crustáceos, esponjas, cianobacterias, y micro y macroalgas (Lage & Bondoso, 2011). La mayoría de Planctomycetes, excluyendo las bacterias anammox (que

realizan la oxidación anaerobia del ion amonio), son heterótrofos capaces de degradar compuestos orgánicos complejos (Fuchsman *et al.*, 2012). A él pertenecen la clase Phycisphaerae que son bacterias heterótrofas anaerobias facultativas, y se han relacionado con la reducción de nitratos a nitritos (Fukunaga *et al.*, 2009). Planctomycetacia es otra clase, cuya función ecológica es importante al realizar tanto en condiciones aeróbicas como anaeróbicas la descomposición de la materia orgánica (Fuchsman *et al.*, 2012; Lage & Bondoso, 2011), también se ha relacionado con la degradación de heteropolisacáridos sulfatados (Glöckner *et al.*, 2003). Organismos pertenecientes a estas dos clases en mención, se encuentran reportadas en las cinco muestras.

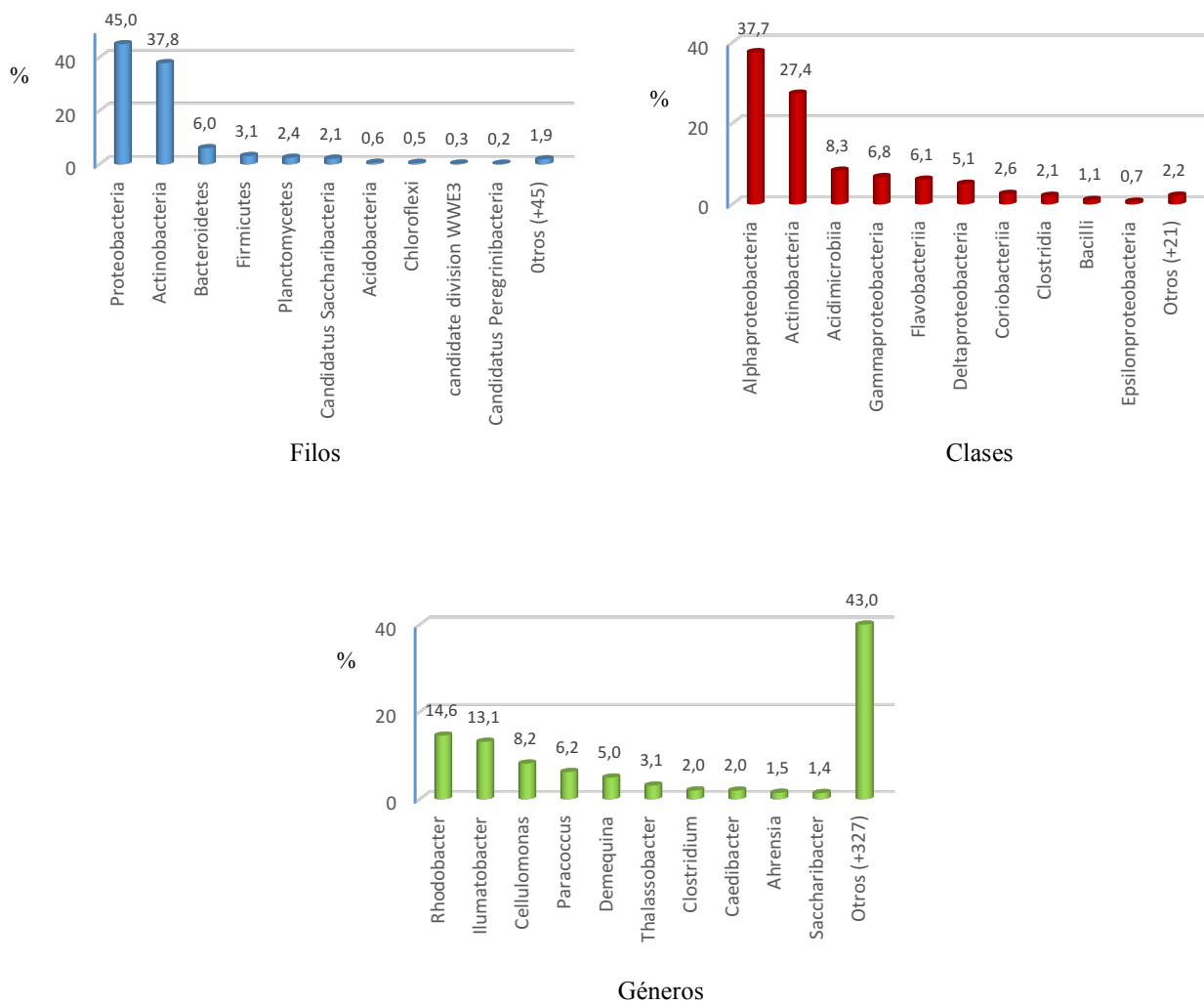


Figura 12. Composición de la comunidad bacteriana del sedimento asociado a la zona arrecifal la Bahía de Akumal, en los niveles taxonómicos de filo, clase y género.

Las Cianobacteria tienen una alta presencia en la muestra de Sisal. Son bacterias comunes en el medio ambiente, capaces de realizar fotosíntesis oxigénica, por lo que son claves en los ecosistemas marinos como productores primarios, y como agentes fijadores de nitrógeno (Paerl *et al.*, 2016). Algunas de ellas producen citotoxinas, hepatotoxinas o neurotóxicas, que afectan la fauna del medio (Ismael, 2012), dentro de las Cianobacteria que producen cianotoxinas detectadas en Sisal se encuentran los géneros *Anabaena*, *Oscillatoria* y *Planktothrix*.

En el caso particular de Puerto Morelos, los cinco filos con mayor abundancia relativa en orden descendente son, Proteobacteria, Actinobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes y Planctomycetes. Estos resultados coinciden de manera parcial con resultados de un estudio previamente publicado para muestras de sedimento de la misma zona arrecifal, donde Proteobacteria, Cianobacteria, Planctomycetes, Bacteroidetes y Acidobacteria son los filos predominantes (Beltrán *et al.*, 2016). Las diferencias podrían obedecer tanto a factores temporales, como al tipo de sedimento muestreado, ya que para el estudio referenciado tomaron muestras exclusivamente de sedimento adyacente a escombros de coral, y para este estudio, el sedimento es de diferentes puntos de la zona arrecifal unificada en una muestra. No se encontraron reportes que describan la estructura de la comunidad bacteriana del sedimento en las otras zonas en estudio.

La comunidad bacteriana en los niveles de filos y clase hasta ahora descrita, no presenta mayores diferencias, ni comportamientos definidos entre las muestras. Sin embargo, al profundizar la descripción de la comunidad bacteriana a nivel de género, se logran establecer algunas diferencias más marcadas. Se reportan 264 géneros en la muestra de la Bahía de Media Luna (19 de ellos representan el 50 % de las lecturas asignadas a este nivel taxonómico), 280 en Isla Contoy (19 representan el 50 %), 284 en la Bahía de Akumal (seis representan el 50 %), 337 en Sisal (10 representan el 50 %) y 338 en la muestra de Puerto Morelos (ocho representan el 50 %).

De los géneros reportados en las muestras, el género *Ilumatobacter* presenta la mayor abundancia relativa en La Bahía de Media Luna y Puerto Morelos, con representaciones de 15.3 % y 7.73 % respectivamente. Este mismo género está en un segundo lugar en la Bahía de Akumal, con un 13.15 %. Ha sido previamente reportado en muestras de sedimento de playa de Japón (Matsumoto *et al.*, 2013) y en sedimentos marinos del Ártico (Zhang G. *et al.*, 2014). Se clasifica en el orden Acidimicrobiales de la clase Actinobacteria. La mayoría de ellos pueden sobrevivir en un rango de temperaturas de 12 a 36 °C, son tolerantes a la sal, aerobios y de vida libre (Fujinami *et al.*, 2013); a la fecha no se ha reportado potencial patogénico, y aunque su presencia dominante en algunos ecosistemas podría indicar que juegan un papel importante en el metabolismo ecosistémico, no se encontró información de la actividad de los miembros de este género. Su presencia en las otras dos muestras no supera el 0.86 %.

Las *Pseudomonas* son un género mega diverso ubicuo en la naturaleza, muy común en muestras de suelo y también identificado en ambientes acuáticos, tanto de agua dulce como salada. En la actualidad es el género de bacterias Gram negativas con mayor número de especies reportadas (Gomila *et al.*, 2015). Aunque se encuentra presente en todas las muestras en estudio, solo es representativo en un segundo lugar, con un 5.6 % en Isla Contoy. Este género incluye un gran número de especies usadas en procesos biotecnológicos y de biorremediación (Simarro *et al.*, 2013), así como patógenos humanos o vegetales (Masák *et al.*, 2014; Morales *et al.*, 1996; Gonçalves *et al.*, 2017).

El género *Synechococcus*, representa el 21.39 % de los géneros identificados en la muestra de Sisal, valor que supera a los de mayor presencia en el resto de las muestras que no sobrepasan el 16 %, convirtiéndose así, en el género con mayor abundancia relativa a este nivel en todas las muestras analizadas. *Synechococcus* es una cianobacteria muy extendida en los ambientes marinos (Fatima *et al.*, 2015), común en zonas eufóticas con abundante luz, con adaptación tanto en ambientes eutróficos como oligotróficos (Ávila *et al.*, 2016). Varios estudios han sugerido que al ser un productor primario juegan un papel importante en el ciclo de carbono, tanto en ambientes de aguas dulces como saladas (Bemal & Chandrashekar, 2016; Li, 1994; Liu *et al.*, 1998).

Después de *Synechococcus*, *Phaeobacter* es el género con mayor presencia en la muestra de Sisal. Estas bacterias pertenecen a las Alfacaproteobacteria, son aerobias, y han sido reportadas en varios ambientes que incluyen desde manantiales de agua dulce, hasta sedimentos marinos del ártico y costeros (Breider *et al.*, 2014). Actualmente existe un gran interés en este grupo, debido a su capacidad para producir varios metabolitos secundarios de interés, algunos de ellos como antibióticos (Berger *et al.*, 2011). Al igual que con las Flavobacteria, su abundancia relativa en Sisal puede deberse a la profundidad del sedimento colectado.

Rhodobacter son un grupo de bacterias metabólicamente muy diversas. Son capaces de crecer en una amplia variedad de condiciones como fotosintéticas, litotróficas, aeróbicas y anaeróbicas (Fang *et al.*, 2006); son comunes en hábitats marinos, participando activamente en los ciclos biogeoquímicos. También se ha demostrado su capacidad para ser usado en biorremediación de suelos contaminados con metales pesados y aguas residuales contaminadas con residuos porcinos y de granjas piscícolas (Do *et al.*, 2003; Fan *et al.*, 2012; Merugu *et al.*, 2014). Este género es el de mayor abundancia relativa reportada en la muestra de la Bahía de Akumal, el segundo en Puerto Morelos y el cuarto en la Bahía de Media Luna.

Otro de los géneros con mayor porcentaje de lecturas asignadas en algunas de las muestras, es *Cellulomonas*, con una aparición en la tercera posición en Isla Contoy y en Bahía de Akumal, y segunda posición en la Bahía de Media Luna. *Cellulomonas* han sido aislados de muestras de suelo (Chua *et al.*, 2015), y se relaciona con actividad celulolítica, por lo que es probable que juegue un papel importante en la descomposición de materia orgánica (Pourcher *et al.*, 2001).

En Isla Contoy, el género de bacterias de mayor abundancia relativa es *Bdellovibrio*, sin reportarse en ninguna otra muestra. Son proteobacterias depredadoras aeróbicas, es decir, que se alimentan de otras bacterias (Stolp & Starr, 1963); su mecanismo de depredación es por invasión del periplasma de las Gram negativas, y a diferencia de otros géneros depredadores que atacan presas muertas, algunos organismos de este género requieren que sus presas estén vivas (Banning *et al.*, 2010). Un estudio demostró la capacidad de este grupo para disminuir la biomasa de biofilms de *Escherichia coli* y *Pseudomonas fluorescens*, sugiriendo la posibilidad de su uso como agente de control biológico contra biofilms bacterianos (Kadouri & O'Toole, 2005).

Dentro de otros géneros dominantes con abundancia relativa apreciable (valores superiores a 2 %) están: Sisal, *Geobacter*, *Flavobacterium*, *Desulfatitalea*, *Pseudoalteromonas*, *Lutibacter*, *Azorhizobium*, *Aeromonas*, *Candidatus Pelagibacter* y *Capnocytophaga*; Puerto Morelos, *Ruegeria*, *Paracoccus*, *Jannaschia*, *Demequina*, *Clostridium*, *Ahrensia* y *Hyphomicrobium*; Isla Contoy, *Azospirillum*, *Knoellia*, *Demequina* y *Halomonas*; Bahía de Media Luna, *Clostridium*, *Saccharibacter*, *Acinetobacter*, *Desulfosarcina*, *Smithella* y *Aeromonas*; y Bahía de Akumal, *Paracoccus*, *Demequina*, *Thalassobacter* y *Clostridium*.

Comparación de las comunidades bacterianas presentes en las 5 muestras.

En los niveles taxonómicos de filo (figura 13) y clase (figura 14), se determinaron los 20 organismos que tenía el mayor número de lecturas asignadas considerando las cinco muestras, y se calculó el porcentaje sobre el total de las lecturas. Los valores se reportan como porcentajes relativos por nivel taxonómico.

La comunidad bacteriana descrita para muestras de sedimento asociados a diferentes zonas arrecifales en la costa de la península de Yucatán – México, es consistente con la reportada para sedimentos marinos costeros alrededor del mundo (tabla 1), y sugiere una predominante participación de organismos heterótrofos, los cuales desempeñan un papel clave en el ciclo biogeoquímico del carbono y en otros ciclos tales como el del nitrógeno y el azufre en el océano (Abell & Bowman, 2005; Guo *et al.*, 2016).

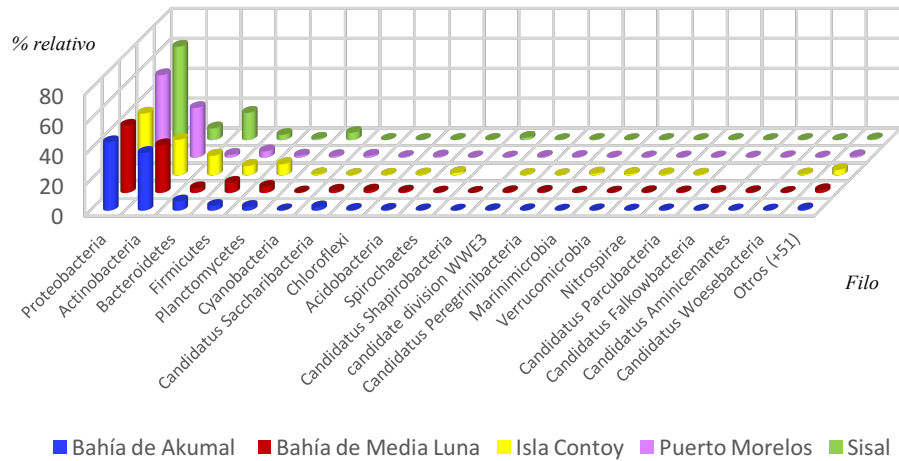


Figura 13. Resultados de la clasificación taxonómica a nivel de filo. Comparativo de filos entre las muestras de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.

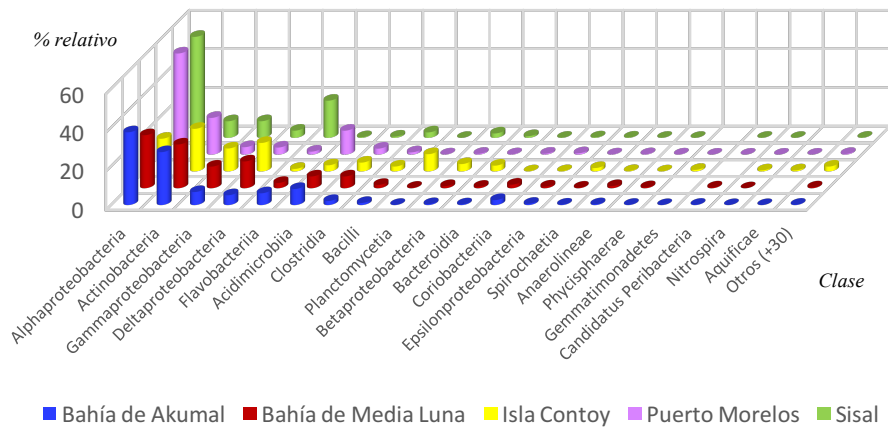


Figura 14. Resultados de la clasificación taxonómica a nivel de clase. Comparativo de filos entre las muestras de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.

Aunque las comunidades microbianas de los sedimentos marinos, refieren una gran importancia por sus capacidades metabólicas, alta densidad en el medio (Gibbons *et al.*, 2013) y respuesta rápida a un cambios en las condiciones del ecosistema (causados por la introducción de contaminantes y/o nutrientes como perturbación de origen antropogénico), se requieren de más datos como los obtenidos en este estudio, para poder establecer una base de referencia que permita evaluar los cambios de la comunidad bacteriana frente a dichas variaciones.

Las características atribuidas a la comunidad bacteriana presente en los sedimentos marinos, han atraído el interés de la comunidad científica, quienes han dirigido esfuerzos en la búsqueda

de posibles metabolitos secundarios, con aplicación farmacológica e industrial, desarrollos biotecnológicos y en biorremediación. Parte de esta información será descrita más adelante.

Rarifación, índices de diversidad y riqueza taxonómica.

Como resultado de la clasificación se reportaron en total para todas las muestras 2093 OTUs, con oscilaciones entre 750 para la muestra con menor número de OTUs (Isla Contoy) y 1201 para la muestra con mayor número (Sisal).

- Curvas de rarefacción

Las curvas de rarefacción (figura 15), evidenciaron que el esfuerzo de muestreo para todas las zonas arrecifales no fue exhaustivo, ya que ninguna de ellas se aproxima a la asíntota. Para establecer comparaciones de diversidad y riqueza entre las muestras, se enrarecieron con el menor valor de secuencias entre las muestras, que fue 9650 secuencias (correspondiente a la muestra de Isla Contoy). Los resultados de la rarefacción arrojaron un total para todas las muestras de 1540 OTUs.

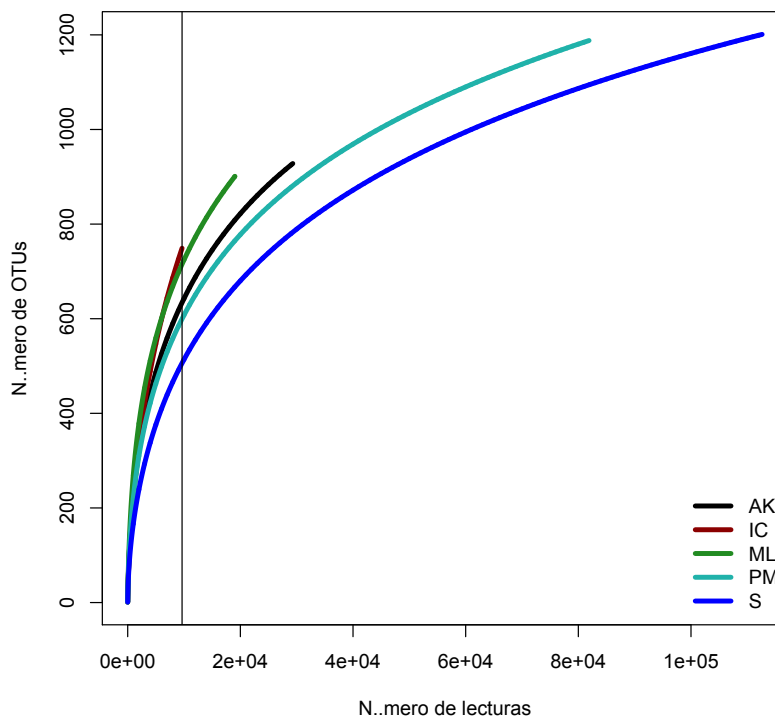


Figura 15. Curva de rarefacción para las muestras de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.

- Índices de diversidad y riqueza.

La riqueza específica, calculada como el número de especies presentes en una comunidad y representada en las muestras, posiciona a Isla Contoy como la muestra con mayor riqueza taxonómica al describir un total de 750 OTUs, seguido de la Bahía de Media Luna, Bahía de Akumal, Puerto Morelos y por último Sisal con 520 OTUs (tabla 18). Aunque este concepto presenta limitación en la validez comparativa por depender del tamaño de la muestra, el proceso de submuestreo realizado con la rarificación podría proporcionarle validez.

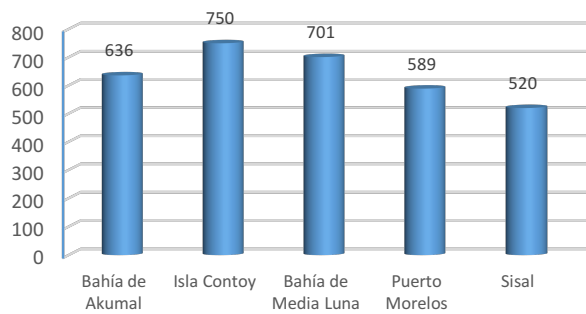
Muestra	Riqueza específica	Shannon	Shannon Max	Pielou	Dominancia Simpson
Sisal	636	4.596	6.455	0.712	0.027
Isla Contoy 3	750	4.344	6.620	0.656	0.066
Puerto Morelos 1	701	5.050	6.553	0.771	0.017
Akumal 1	589	4.626	6.378	0.725	0.028
Akumal 2	520	4.154	6.254	0.664	0.042

Tabla 18. Índices de diversidad y riqueza de la comunidad bacteriana.

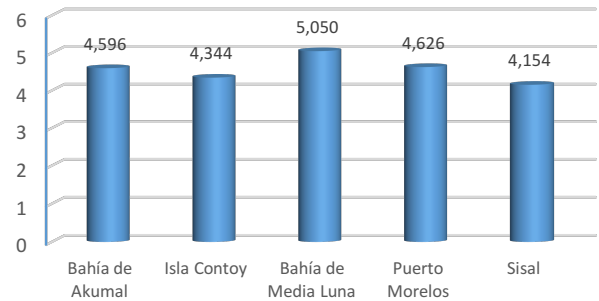
El índice de diversidad de Shannon señala a la Bahía de Media Luna como la más diversa, y en orden decreciente Puerto Morelos, Bahía de Akumal, Isla Contoy y finalmente Sisal como la menos diversa. Este es un índice de riqueza de especies, basado en la abundancia proporcional de especies, que da más peso a las especies raras que a las comunes. Un aumento en la abundancia de una especie rara, aumentará este índice, que una reducción de abundancia por una especie dominante (Hill *et al.*, 2003).

El índice de Pielou calculado sugiere a la Bahía de Media Luna, como la muestra donde la equitatividad de la abundancia de especies reportadas es mayor, y a Isla Contoy donde es menor. Este es un índice que mide la equitatividad de la diversidad, es decir, en qué medida las abundancias de las especies reportadas son iguales. Toma en cuenta la diversidad observada con relación a la máxima diversidad esperada (Moreno, 2001).

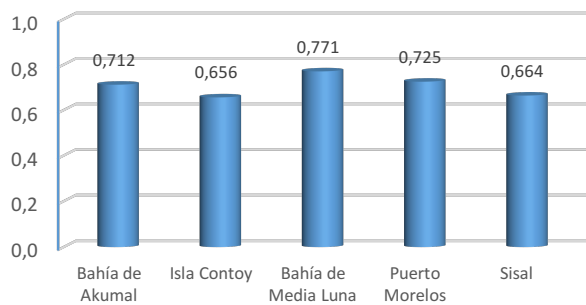
Los resultados del índice de Simpson, ubican a la Bahía de Media Luna como la muestra con mayor diversidad y por ende con menor dominancia; en orden descendente de diversidad y ascendente de dominancia está: Bahía de Akumal, Puerto Morelos, Sisal y por último Isla Contoy. Este índice se ve influenciado por las especies más dominantes, y expresa la posibilidad de que si se toman dos individuos al azar de una muestra, estos sean de la misma especie (de Bello *et al.*, 2016; Haegeman *et al.*, 2014).



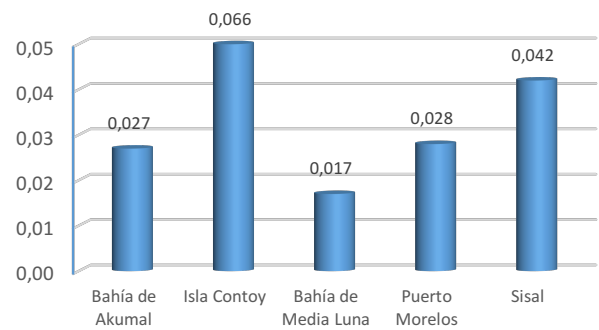
Riqueza Específica



Índice de Shannon



Índice de Pielou



Índice Simpson de Dominancia

Figura 16. Riqueza específica e índices de diversidad, equidad y dominancia de la comunidad bacteriana para las muestras de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.

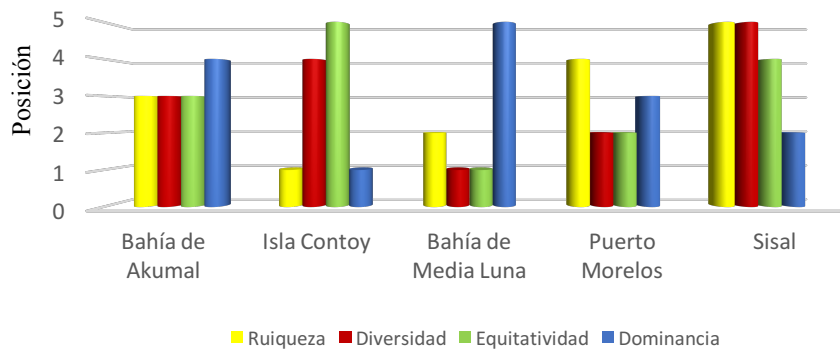


Figura 17. Posición que ocupa las muestras de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal en los valores calculados de riqueza, diversidad, equitatividad y dominancia.

La figura 17 muestra el consolidado de los índices, y se resalta que, la Bahía de Media Luna es la segunda muestra con mayor riqueza, la primera en diversidad y equitatividad, y la que presenta menor dominancia. Isla Contoy es la primera en riqueza y dominancia, la menos equitativa y de las menos diversas. Sisal es la de menor riqueza y diversidad, así como de las menos equitativas y con una dominancia media.

La importancia de calcular la diversidad y riqueza como medida de la complejidad estructural de la comunidad bacteriana en un ecosistema, radica en la posibilidad que esta ofrece en estudios ecológicos, de evaluar el efecto que generan sobre ellas las perturbaciones ambientales a las que pueden estar sometidas. En ocasiones estas perturbaciones pueden generar cambios en la disponibilidad de los recursos o fraccionar los recursos del ecosistema, generando oportunidades para que nuevas especies se establezcan, lo que lleven a variaciones en la diversidad y/o en la dominancia (Torsvik *et al.*, 2002).

- Clúster

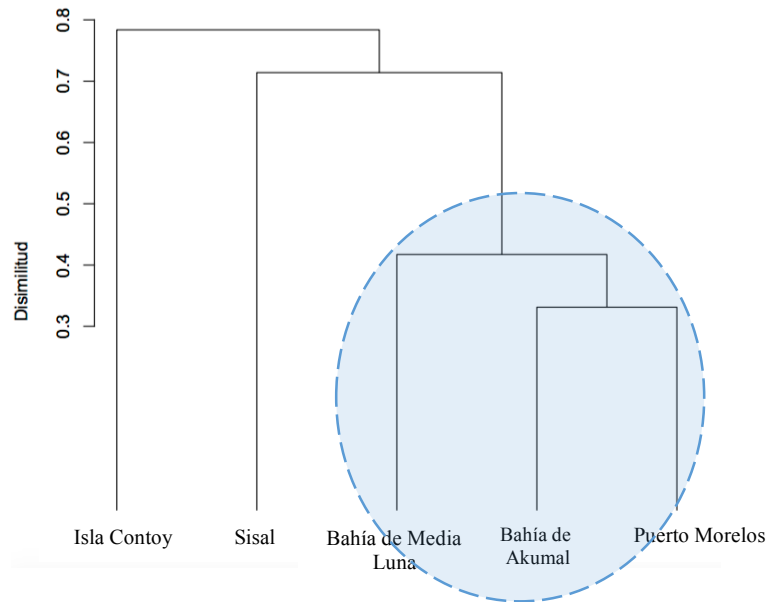


Figura 18. Dendrograma del clúster realizado para la comunidad bacteriana de Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna.

La disimilitud de los resultados obtenidos en la clasificación de las muestras en estudio, se midió usando la disimilitud definida por Bray-Curtis incluida dentro de la estadística multivariada. Este análisis mostro una agrupación con una disimilitud de aproximadamente 0.43, que incluyó a la Bahía de Akumal, Bahía de Media Luna y Puerto Morelos; dentro de estas un sub-grupo con una

disimilitud de aproximadamente 0.34 que agrupó la Bahía de Akumal y Puerto Morelos. Las muestras de Isla Contoy y Sisal tuvieron una distribución más dispersa, siendo esta última la más similar con una disimilitud de aproximadamente 0.72 al grupo ya descrito.

Con estos resultados se puede inferir que la ubicación geográfica podría ejercer influencia en la estructura de la composición de la comunidad bacteriana presente en un ecosistema, atribuible posiblemente a su distancia de la costa, y lo que esto puede representar en términos de la influencia que ejercen las presiones de tipo antropogénicas y/o continentales. Las zonas arrecifales de Akumal y del Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos, se encuentran a una distancia menor de la costa y de la población más cercana, que el Parque Nacional Isla Contoy y el arrecife de Sisal (tabla 4).

Por otra parte, la cercanía geográfica de dos ecosistemas y lo que esto representa en términos de la actividad oceánica (corrientes y oleaje), puede referir la similitud en la composición de la comunidad bacteriana en ellos. En el caso de las zonas arrecifales de Akumal y del Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos, la corriente de Yucatán corre en dirección norte, a lo largo de la costa y la barrera arrecifal, lo que podría determinar la estructura de la comunidad bacteriana al controlar la influencia de las aguas provenientes de mar abierto. La comunidad bacteriana del Parque Nacional Isla Contoy, se puede ver afectada por las corrientes de aguas litorales que vienen del sur, con las implicaciones que eso pueda representar, al arrastrar aguas cercanas a poblaciones con gran número de habitantes y de afluencia de turistas como Isla Mujeres y Cancún (tabla 4), así mismo, por encontrarse en el límite donde se mezclan las aguas del caribe y del Golfo de México. En el caso del arrecife de Sisal, que es el que mayor distancia tiene con las otras zonas, su comunidad bacteriana se puede ver influenciada directamente por las aguas provenientes del golfo.

Identificación de géneros bacterianos de interés para el ser humano

Como parte de la caracterización de la comunidad bacteriana presente en las muestras en estudio, y siendo conscientes de la importancia que estos hallazgos pueden representar para el ser humano y del alcance de esta investigación, se realizaron dos búsquedas direccionadas: la primera dirigida a la identificación de géneros a los que pertenecen una o más especies asociadas con potencial patógeno, que podrían llegar a afectar tanto al ser humano como a algunas plantas y/o animales en ciertas condiciones; y la segunda, a la identificación de géneros de los cuales hacen parte algunas especies a las que se les ha atribuido potencial para ser usadas en biorremediación, o en industrias como la farmacéutica, alimenticia, textil u otra donde sean aplicables.

Géneros con potencial de agentes etiológicos

Los géneros con potencial de agentes etiológicos (géneros a los que pertenecen una o más especies consideradas como patógenas) sobre los que se centró la búsqueda, son los reportados tanto en el listado de agentes patógenos transmitidos en el agua de la OMS (OMS, s.f.), como en el Centro de Integración de Recursos en Patosistemas (PATRIC, por sus siglas en inglés); este último es un Centro de Recursos de Bioinformática (BRC, por sus siglas en inglés) del Instituto Nacional de Alergias y Enfermedades Infecciosas de Estados Unidos de Norteamérica (Wattam *et al.*, 2017).

Género	Bahía de Akumal (%)	Bahía de Media Luna (%)	Isla Contoy (%)	Puerto Morelos (%)	Sisal (%)
<i>Clostridium</i>	2	5.54	1.75	3	0.75
<i>Pseudomonas</i>	0.32	0.74	5.6	0.19	0.83
<i>Aeromonas</i>	0.67	2.14	0.65	0.61	2.33
<i>Flavobacterium</i>	0.17	0.08	-	0.12	3.48
<i>Acinetobacter</i>	0.48	2.46	0.17	0.16	0.24
<i>Mycobacterium</i>	0.24	0.62	1.17	0.31	0.06
<i>Coxiella</i>	0.42	1.17	-	0.35	0.3
<i>Vibrio</i>	0.14	0.21	0.07	0.06	1.58
<i>Helicobacter</i>	0.18	1.25	0.07	0.45	0.09
<i>Staphylococcus</i>	0.24	0.57	0.27	0.21	0.36
<i>Burkholderia</i>	0.07	0.21	0.96	0.06	0.25
<i>Bacillus</i>	0.16	0.42	0.48	0.08	0.25
<i>Streptococcus</i>	0.14	0.28	0.31	0.17	0.1
<i>Legionella</i>	0.11	0.13	0.45	0.04	0.05
<i>Ehrlichia</i>	0.04	0.34	-	0.03	0.21
<i>Campylobacter</i>	0.09	0.3	-	0.04	0.12
<i>Enterococcus</i>	0.05	0.11	0.14	0.04	0.13
<i>Brucella</i>	0.1	0.02	-	0.13	0.1
<i>Serratia</i>	-	-	0.1	-	-
<i>Acanthamoeba</i>	-	-	0.07	-	-
<i>Francisella</i>	-	0.02	-	-	0.04
<i>Yersinia</i>	-	0.02	-	-	-
<i>Borrelia</i>	-	-	-	-	0.01
<i>Enterobacter</i>	-	-	0.03	-	-

Género	Bahía de Akumal	Bahía de Media Luna	Isla Contoy	Puerto Morelos	Sisal
<i>Bartonella</i>	-	-	-	-	-
<i>Chlamydia</i>	-	-	-	-	-
<i>Citrobacter</i>	-	-	-	-	-
<i>Escherichia</i>	-	-	-	-	-
<i>Listeria</i>	-	-	-	-	-
<i>Klepsiella</i>	-	-	-	-	-
<i>Rickettsia</i>	-	-	-	-	-
<i>Salmonella</i>	-	-	-	-	-
<i>Shigella</i>	-	-	-	-	-
Total	5.64	16.64	12.29	6.06	11.3

Tabla 19. Géneros de bacterias asociados con algunos agentes etiológico reportados en las muestras de, Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.

Algunos de los géneros bacterianos conocidos como potenciales agentes etiológicos por estar relacionados con una o más especies patógenas que afectan a los humanos (tabla 19), pueden entrar al ambiente a través de diferentes fuentes, ya sean puntuales o difusas, dentro de las que se incluyen las escorrentías superficiales, las heces de los animales y los derrames de drenajes sanitarios (Malham *et al.*, 2014), otros se encuentran ampliamente distribuidos en el medio ambiente en todo el mundo (Fukushima & Seki, 2004). La capacidad de sobrevivir y la patogenicidad de algunos de ellos, depende de los factores físicos, químicos y biológicos de los ecosistemas (Malham *et al.*, 2014), así como de la susceptibilidad de la población y de la dosis a la que sea expuesta (FAO, 2004), por lo que se pone de manifiesto que su identificación en las muestras en estudio, no sugiere necesariamente un riesgo inminente a la salud humana.

Clostridium es uno de los géneros con mayor abundancia relativa, con una aparición de más del 1 % en todas las muestras a excepción de Sisal; a este género pertenecen algunos patógenos de importancia clínica, que son agentes etiológicos de enfermedades como tétanos, botulismo, gangrena gaseosa y gastroenteritis, dentro de ellos están *C. botulinum*, *C. perfringens*, *C. tetani*, *C. difficile* y *C. septicum* (Wattam *et al.*, 2014).

En la muestra de Isla Contoy el género *Pseudomonas* tiene una abundancia de 5.6 %, este es el porcentaje más alto dentro los géneros identificados en todas las muestras; como ya se mencionó, son organismos ubicuos en la naturaleza (Gomila *et al.*, 2015) y a él pertenecen algunas especies patógenas como las *P. aeruginosa*, causante de enfermedades como fibrosis cística, infecciones urinarias, infecciones respiratorias (neumonía), queratitis corneal, abscesos anales, infecciones en la piel y septicemia; *P. fluorescens*, causante de fibrosis cística y es

comensal de algunas plantas; otras especies reportadas son: *P. syringae*, *P. corrugata*, *P. fuscovaginae*, *P. chlororaphis*, *P. savastanoi*, *P. agarici*, y *P. avellanae*, relacionadas con enfermedades en plantas (Gonçalves *et al.*, 2017; Morales *et al.*, 1996; Wattam *et al.*, 2014).

Con una abundancia superior al 2 % entre los géneros reportados para las muestras de Sisal e Isla Contoy, se clasificó al género *Aeromonas*; estos organismos son comunes en ambientes acuáticos (Joseph *et al.*, 1988), y algunas de las especies patógenas de interés que a él pertenecen son *A. hydrophila*, *A. caviae*, *A. veronii*, *A. sobria* y *A. schubertii*, que se relacionan con infecciones de heridas, gastroenteritis y enfermedades sistémicas oportunistas en pacientes inmunodeprimidos. Los factores de virulencia incluyen la producción de enterotoxinas, citotoxinas, hemolisinas y proteasas (Imzilin *et al.*, 1998). Varias especies de *Aeromonas* han sido aisladas de animales, incluyendo varias especies de aves, por lo que se les considera un importante reservorio (Joseph *et al.*, 1988) y una fuente de contaminación.

En la muestra de Sisal, el género *Flavobacterium* representa el 3.48 %, es al que mayor número de lecturas le fue asignado, en el resto de las muestras no supera el 0.18 %; este es un género dentro los considerados con potencial patógeno. Algunas especies de este género como *F. columnare*, *F. flevense* y *F. hydatis*, pueden producir diversas infecciones cutáneas y de las mucosas de los ojos, oídos, nariz y garganta, principalmente en personas inmunodeprimidas (ancianos, pacientes con quemaduras, heridas graves o SIDA) (OMS, s.f.). *Flavobacterium psychrophilum* es la causante del síndrome de la trucha arco iris Fry (RTFS) y la enfermedad de agua fría en salmónidos, caracterizada por lesiones externas en la piel (Madetoja *et al.*, 2003).

Otros géneros presentes en las muestras en estudio y a los que pertenecen algunas especies patógenas están: *Acinetobacter*, *Staphylococcus*, *Burkholderia*, *Streptococcus*, *Yersinia*, *Legionella* y *Mycobacterium* (reportados en infecciones respiratorias); *Helicobacter*, *Vibrio*, *Bacillus* y *Campylobacter* (relacionados con padecimientos gastrointestinales como gastroenteritis, gastritis, úlceras gástricas, colera o envenenamiento por alimentos); y *Acanthamoeba* y *Serratia* (identificados en infecciones de piel y mucosas) (OMS, s.f.; Wattam *et al.*, 2017).

De los géneros usados como indicadores de contaminación fecal que incluyen *Enterococcus*, *Citrobacter*, *Klebsiella*, *Escherichia* y *Enterobacter* (Herrera & Suárez, 2005), *Enterococcus* se encuentra presente en todas las muestras en abundancias que no superan el 0.13 % de todos los géneros reportados; *Enterobacter* con abundancia relativa de 0.03 % en Isla Contoy; y los otros géneros: *Citrobacter*, *Klebsiella* y *Escherichia* no fueron identificados en las muestras en estudio.

Otros grupos como *Listeria*, *Rickettsia*, *Salmonella*, *Shigella*, *Bartonella* y *Chlamydia*, de interés por incluir a varias especies potencialmente patógenas, no obtuvieron asignación de lecturas durante el proceso de clasificación y asignación.

La muestra de la Bahía de Media Luna fue la que contó con la mayor abundancia de los géneros en mención, con un valor de 16.64 % y la Bahía de Akumal fue la que menor participación tuvo con un 5.64 % respecto a todos los géneros reportados.

Identificación de géneros con potencial biotecnológico.

La búsqueda se enfocó a la identificación de géneros a los que pertenecen una o varias especies que representan un especial interés para el ser humano, por sus potenciales aplicaciones biotecnológicas en la industria y en biorremediación (tabla 20).

Género	Bahía de Akumal	Bahía de Media Luna	Isla Contoy	Puerto Morelos	Sisal	Potencial biotecnológico	
						Uso	Compuestos relacionados
<i>Acetobacter</i>	✓	✓	✗	✓	✓	Industria	Producción ácido acético a partir de etanol.
<i>Aeromonas</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Hidrocarburos
<i>Alcanivorax</i>	✗	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Hidrocarburos alifáticos
<i>Algiphilus</i>	✗	✗	✗	✓	✗	Biorremediación	Hidrocarburos
<i>Bacillus</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Organoclorados e hidrocarburos aromáticos policíclicos
						Industria	Antibióticos, saborizantes, enzimas (proteasas)
<i>Bdellovibrio</i>	✗	✗	✓	✗	✓	Biorremediación	Agente de control biológico (evita formación de biofilms bacterianos)
<i>Burkholderia</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Organoclorados
<i>Clostridium</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Degradación de explosivos
						Industria	Fermentación de azúcares, producción de hidrógeno
<i>Comamonas</i>	✗	✗	✗	✓	✗	Biorremediación	Hidrocarburos
<i>Corynebacterium</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Industria	Producción de lisina
<i>Cycloclasticus</i>	✓	✗	✗	✓	✗	Biorremediación	Hidrocarburos aromáticos
<i>Desulfobivrio</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Degradación de explosivos
<i>Geobacter</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Metales e hidrocarburos aromáticos
<i>Gluconobacter</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Industria	Producción ácido acético a partir de etanol

Género	Bahía de Akumal	Bahía de Media Luna	Isla Contoy	Puerto Morelos	Sisal	Potencial biotecnológico	
						Uso	Compuestos relacionados
<i>Kocuria</i>	✗	✗	✓	✗	✗	Biorremediación	Organoclorados
<i>Luteibacter</i>	✗	✗	✓	✗	✗	Biorremediación	Organoclorados
<i>Lysobacter</i>	✓	✗	✓	✓	✗	Biorremediación	Organoclorados
<i>Micromonospora</i>	✗	✗	✓	✓	✗	Industria	Antibióticos
<i>Paenibacillus</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Degradación de explosivos
<i>Phaeobacter</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Triéster de fosfato
						Industria	Antibióticos
<i>Pseudomonas</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Organoclorados, hidrocarburos aromáticos policíclicos
						Industria	Vitamina B ₁₂ , enzimas (proteasas)
<i>Pseudonocardia</i>	✗	✗	✓	✗	✗	Biorremediación	Disulfuro de dimetilo
						Industria	Antibióticos e insecticidas
<i>Pseudovibrio</i>	✓	✓	✗	✓	✓	Industria	Antibióticos
<i>Ralstonia</i>	✓	✓	✓	✓	✗	Biorremediación	Hidrocarburos aromáticos policíclicos
<i>Rhodobacter</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Nitroaromáticos
						Industria	Producción de hidrógeno
<i>Roseobacter</i>	✓	✗	✓	✓	✓	Industria	Antibióticos
<i>Ruegeria</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Triéster de fosfato
						Industria	Antibióticos
<i>Shewanella</i>	✗	✗	✓	✗	✓	Biorremediación	Metales e Hidrocarburos aromáticos
<i>Sphingomonas</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Petroquímicos
<i>Streptococcus</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Industria	Fermentación láctica
<i>Streptomyces</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Industria	Antibióticos, pigmentos y enzimas (proteasa)
<i>Thalassospira</i>	✓	✓	✗	✓	✓	Biorremediación	Triéster de fosfato
<i>Thioalkalivibrio</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Hidrocarburos
<i>Vibrio</i>	✓	✓	✓	✓	✓	Biorremediación	Hidrocarburos
<i>Xanthomonas</i>	✗	✗	✓	✗	✗	Industria	Producción de xantano (polisacárido)

Tabla 20. Géneros de bacterias relacionadas a especies con potencial biotecnológico en las muestras de, Sisal, Isla Contoy, Puerto Morelos, Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal.,

Dentro de los grupos de bacterias que representan un potencial interés, y que en la actualidad son objeto de investigación, se destacaron 35 géneros representados en una o más de las muestras en estudio. Sus posibles aplicaciones se subdividieron en dos grupos, las enfocadas a la biorremediación, y las industriales (textil, alimenticia, farmacéutica y plástica, entre otras).

Algunas bacterias de los géneros *Kocuria*, *Lysobacter*, *Pseudomonas*, *Burkholderia*, *Luteibacter* y *Bacillus*, logran crecer en presencia de altas concentraciones de compuestos de tipo organoclorados, que son usados comúnmente como pesticidas y plaguicidas, y que se pueden acumular en los ecosistemas costeros marinos por escorrentías o por el drenaje (Boyle *et al.*, 1999). Se ha demostrado la eficacia de estos géneros, en la recuperación de áreas contaminadas con este tipo de químicos (Boyle *et al.*, 1999; Gordillo *et al.*, 2007). En Sisal se reportaron tres de los seis géneros, en Isla Contoy seis, en Puerto Morelos cuatro, en la Bahía Media Luna tres y en la Bahía de Akumal cuatro.

Los ecosistemas marinos son vulnerables a la contaminación excesiva por hidrocarburos, como resultado de las actividades humanas, y los daños que estos causan son difíciles de mitigar (Paissé *et al.*, 2012). A pesar de su toxicidad, una considerable fracción del petróleo que entra en los sistemas marinos es degradada por las llamadas bacterias hidrocarbonoclasticas o degradadoras de hidrocarburos (Hernández *et al.*, 2015; Teramoto *et al.*, 2010), dentro de los que se incluyen miembros de los géneros *Alcanivorax*, *Cycloclasticus*, *Aeromonas*, *Vibrio*, *Bacillus*, *Shewanella*, *Algiphilus*, *Comamonas*, *Pseudomonas*, *Ralstonia* y *Thioalkalivibrio*. (Gutierrez *et al.*, 2012; Hernández *et al.*, 2015; Teramoto *et al.*, 2010). En Sisal se reportaron siete de los 11 géneros, ocho en Isla Contoy, nueve en Puerto Morelos y siete en la Bahía Media Luna y la Bahía de Akumal.

Dentro de los hidrocarburos, existe una clase de compuestos llamados hidrocarburos aromáticos policíclicos (HAP), que son compuestos orgánicos formados por dos o más anillos aromáticos en varias configuraciones estructurales, a los cuales se les han atribuido tener efectos cancerígenos y mutagénicos (Gutierrez *et al.*, 2012; Simarro *et al.*, 2013). Esto ha despertado el interés de los investigadores, y dentro de 11 géneros reportados como degradadores de hidrocarburos, se relacionan como degradadores de HAP los *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Algiphilus* y *Ralstonia* (Bracho *et al.*, 2004; Cuevas, 2009; Gómez *et al.*, 2006; Gutierrez *et al.*, 2012).

Algunas de las bacterias disimilatorias más importantes que reducen azufre y metales (hierro, uranio, cobalto, y cromo) pertenecen a los géneros *Geobacter* (presente en todas las muestras) y *Shewanella* (presente en Isla Contoy y en Sisal). Son capaces de oxidar completamente compuestos orgánicos, por lo que son usadas en procesos de biorremediación de áreas contaminadas con compuestos aromáticos, clorados y metálicos (Kuever, 2014).

Como plastificantes y pesticidas es común el uso de compuestos como el triéster de fosfato (ácido organofosfórico), varios de estos compuestos son neurotóxicos y/o cancerígenos (Castiblanco, 2014). A pesar de que estos pueden llegar a las zonas costeras por las escorrentías

(Ongley, 1997), sus concentraciones allí son bajas, sugiriendo que son degradados por las bacterias presentes en estos ecosistemas. Se han asociado a esta degradación por la producción de fosfotriesterasa, fosfodiesterasa y fosfomonoesterasa, algunas especies de los géneros *Phaeobacter*, *Ruegeria* y *Thalassospira* (Yamaguchi *et al.*, 2016). Las tres se reportaron en todas las muestras, menos *Thalassospira* que no fue identificado en Isla Contoy.

Alrededor del mundo y a causa de las múltiples guerras que el ser humano ha inventado, muchos buques de guerra y submarinos reposan en el fondo del océano, y con ellos todas las bombas que hacían parte de su armamento y que nunca estallaron, convirtiéndolas en una fuente potencial de contaminación ambiental por sustancias explosivas como el RDX (ciclo-trimetilen-trini-tramina) conocido como T4, y el HMX (ciclo-tetrametilen-tetra-nitramina), siendo tóxicas para la fauna del ecosistema contaminado (Burton & Turley, 1995; Robidoux *et al.*, 2001). En la actualidad algunos organismos de los géneros *Clostridium*, *Paenibacillus* y *Desulfovibrio* son usados en la degradación de estos compuestos (Zhao *et al.*, 2007). Los tres se encontraron clasificados en todas las muestras.

De gran interés para la industria se encuentran las bacterias que tienen la capacidad de producir compuestos con actividad farmacológica como antibióticos, uno de los géneros más usado con esta aplicación es *Streptomyces*; a él se relacionan Anfotericina B, Eritromicina, Neomicina, Estreptomina, Tetraciclina, Vancomicina y la Rifampicina. Especies del género *Bacillus* son usadas para la producción de Bacitracina, Gramicidina y Polimixina B. La producción del TDA (un antibiótico natural) se asocia a los géneros *Phaeobacter*, *Ruegeria*, *Pseudovibrio* y *Roseobacter* (Berger *et al.*, 2011; Brinkhoff *et al.*, 2004).

La búsqueda de nuevas aplicaciones biotecnológicas de los microorganismos, llevaron a la producción biológica de hidrógeno a partir de residuos orgánicos. El hidrógeno es un biocombustible considerado como fuente de energía limpia y eficiente (Linares & Moratilla, 2007). Las bacterias que participan en el proceso incluyen a organismos del género *Clustridium*, *Enterobacter* y *Rhodobacter* (Kobayashi *et al.*, 2011). Como ya se mencionó, *Rhodobacter* es un grupo de bacterias metabólicamente muy diverso (Fang *et al.*, 2006), activo en la naturaleza y se ha demostrado su capacidad para ser usado en biorremediación (Do *et al.*, 2003; Fan *et al.*, 2012; Merugu *et al.*, 2014; Simon *et al.*, 2017).

El uso de enzimas en varios procesos industriales, ha ganado atención significativa. Las enzimas microbianas son usadas como catalizadores en la fabricación de varios productos, tales como alimentos, papel, productos farmacéuticos, detergentes y textiles. Las proteasas son las principales enzimas usadas en estos procesos, y son producidas por bacterias de los géneros *Bacillus*, *Pseudomonas*, y *Streptomyces* (Bhange *et al.*, 2016; Sharma *et al.*, 2017)

Se calcula que el 67 % de los productos naturales marinos, provienen de los mares de Australia, el Océano Índico, el Mediterráneo, Japón, del occidente del Pacífico y del Caribe (Blunt *et al.*, 2007). Debido a la gran porción de superficie del planeta que ocupan los océanos, a la gran cantidad de ecosistemas que los componen y a la extraordinaria biodiversidad que poseen, la comunidad científica ha y seguirá enfocado esfuerzos en la búsqueda de nuevos compuestos bioactivos en este ambiente.

8. CONCLUSIONES

- La comunidad microbiana del sedimento asociado a las zonas arrecifales de Arrecife Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos y Arrecife Akumal, está dominada por bacterias de los filos Proteobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes y Firmicutes, y las clases Alfaproteobacteria y Actinobacteria en todas las muestras a excepción de Sisal, donde las Alfaproteobacteria y Flavobacteriia cuentan con la mayor abundancia relativa. La composición bacteriana descrita es consistente con la reportada para sedimentos marinos costeros alrededor del mundo, y sugiere una predominante participación de organismos heterótrofos.
- En las zonas arrecifales de Arrecife Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos y Arrecife Akumal, se identificaron géneros a los que pertenecen una o más especies a las que se les atribuye en la literatura potencial patógeno. Las mayores abundancias relativas se presentaron en la muestra de la Bahía de Media Luna en el arrecife de Akumal y en la muestra de Isla Contoy. De los géneros usados como indicadores de contaminación fecal (*Enterococcus*, *Citrobacter*, *Klebsiella*, *Escherichia* y *Enterobacter*), solo se identificó *Enterococcus* en todas las muestras, con abundancias que no superan el 0.13 % de todos los géneros reportados.
- Los géneros de interés para el ser humano por sus posibles capacidades metabólicas, identificados en las muestras de sedimento arrecifal asociado a zonas arrecifales de la Península de Yucatán, incluyeron grupos de bacterias que se reportan en literatura son usados en bioremediación de áreas contaminadas por compuestos organoclorados, hidrocarburos aromáticos y alifáticos, metales, pesticidas, plaguicidas y explosivos; y otras con aplicaciones en la industria como en la producción de antibióticos, hidrógeno, ácido acético y enzimas usadas en otros procesos productivos.
- Los índices de diversidad y equitatividad, sugieren que la comunidad bacteriana más diversa y equitativa es la presente en la muestra de la Bahía de Media Luna en el Arrecife de Akumal, la menos diversa es la de Sisal, y la menos equitativa es la de Isla Contoy. La riqueza taxonómica señala a Isla Contoy como la de mayor número de especies y a Sisal como la de menos especies reportadas.

9. REFERENCIAS

- Abed, R., Kharusi, S., Schramm, A., & Robinson, M., (2010). Bacterial diversity, pigments and nitrogen fixation of biological desert crusts from the Sultanate of Oman. *FEMS Microbiol Ecol*; 72 (3): 418-428. doi: 10.1111 / j.1574-6941.2010.00854.x
- Abell, G. C., & Bowman, J. P. (2005). Ecological and biogeographic relationships of class Flavobacteria in the southern ocean. *FEMS Microbiology Ecology*, 51(2), 265-277. doi:10.1016/j.femsec.2004.09.001
- Acuña, A. J., Torres, C. F., Pucci, G. N., & Pucci, O. H. (2011). Artículo original Evaluación del tiempo de vida de bacterias potencialmente patógenas en sedimentos marinos. *Revista de la Sociedad Venezolana de Microbiología*, 31, 124-129.
- Alvarado, J. J., & Vargas-Castillo, R. (2012). Invertebrados asociados al coral constructor de arrecifes Pocillopora damicornis en Playa Blanca, Bahía Culebra, Costa Rica. *Revista de Biología Tropical*, 60(2).
- Amaral, L., Artigas, L. F., Baross, J., Bharathi, L., Boetius, A., Chandramohan, D., ... & Ramette, A. (2010). A global census of marine microbes. Life in the world's oceans: diversity, distribution and abundance. *Oxford: Blackwell Publishing Ltd*, 223-245.
- An, Y., Joo, Y., Hong, I., Ryu, H., & Cho, K. (2004). Microbial characterization of toluene-degrading denitrifying consortia obtained from terrestrial and marine ecosystems. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 65(5), 611-619. doi:10.1007/s00253-004-1596-4
- Archer, S. K., Stevens, J. L., Rossi, R. E., Matterson, K. O., & Layman, C. A. (2017). Abiotic conditions drive significant variability in nutrient processing by a common Caribbean sponge, *Ircinia felix*. *Limnology and Oceanography*.
- Athié, G., Candela, J., Sheinbaum, J., Badanf, A., & Ochoa, J. (2011). Estructura de la corriente de Yucatán en los canales de Cozumel y Yucatán. *Ciencias marinas*, 37(4A), 471-492.
- Atlas, R., & Bartha, R. (2002). *Ecología Microbiana y Microbiología Ambiental* (4 ed.). Madrid, España: PEARSON EDUCACIÓN.p.p. 3, 188, 189, 192, 203, 227, 228, 350 -357.
- Ávila, M., Staehr, P., Barbosa, F., Chartone-Souza, E., & Nascimento, A., (2016). Seasonality of freshwater bacterioplankton diversity in two tropical shallow lakes from the Brazilian Atlantic Forest. *FEMS Microbiol Ecol*; 93 (1): fiw218. doi: 10.1093/femsec/fiw218
- Aylward, F. O., Eppley, J. M., Smith, J. M., Chavez, F. P., Scholin, C. A., & DeLong, E. F. (2015). Microbial community transcriptional networks are conserved in three domains at ocean basin scales. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112(17), 5443-5448. doi:10.1073/pnas.1502883112
- Babraham Institute. (2016). Babraham Bioinformatics. Recuperado el 28 de 1 de 2017, de <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/Help/1%20Introduction/1.1%20What%20is%20FastQC.html>
- Bäckhed, F., Ley, R. E., Sonnenburg, J. L., Peterson, D. A., & Gordon, J. I. (2005). Host-bacterial mutualism in the human intestine. *Science*, 307(5717), 1915-1920.
- Banning, E. C., Casciotti, K. L., & Kujawinski, E. B. (2010). Novel strains isolated from a coastal aquifer suggest a predatory role for flavobacteria. *FEMS Microbiology Ecology*, 73(2), 254-270. doi:10.1111/j.1574-6941.2010.00897.x
- Barbier, E. B., Koch, E. W., Silliman, B. R., Hacker, S. D., Wolanski, E., Primavera, J., ... & Stoms, D. M. (2008). Coastal

- ecosystem-based management with nonlinear ecological functions and values. *Science*, 319(5861), 321-323.
- Barton, L. L., Tomei-Torres, F. A., Xu, H., & Zocco, T. (2015). Metabolism of metals and metalloids by the sulfate-reducing bacteria. *Bacteria-metal interactions* (pp. 57-84) doi:10.1007/978-3-319-18570-5_4
- Beltrán, Y., Cerqueda-García, D., Taş, N., Thomé, P. E., Iglesias-Prieto, R., & Falcón, L. I. (2016). Microbial composition of biofilms associated with lithifying rubble of *Acropora palmata* branches. *FEMS Microbiology Ecology*, 92(1) doi:10.1093/femsec/fiv162
- Belzer C. & de Vos W. (2012). Microbes inside—from diversity to function: the case of Akkermansia. *ISME J.* 6, 1449–58. [PMC free article] [PubMed]
- Bemal, S., Chandrashekar, A. (2016). Genetic and ecophysiological traits of *Synechococcus* strains isolated from coastal and open ocean waters of the Arabian Sea. *FEMS Microbiol Ecol*; 92 (11): fiw162. doi: 10.1093/femsec/fiw162
- Berger, M., Neumann, A., Schulz, S., Simon, M., & Brinkhoff, T. (2011). Tropodithietic acid production in *Phaeobacter gallaeciensis* is regulated by N-acyl homoserine lactone-mediated quorum sensing. *Journal of Bacteriology*, 193(23), 6576-6585. doi:10.1128/JB.05818-11
- Bhange, K., Chaturvedi, V. & Bhatt, R. (2016). Simultaneous production of detergent stable keratinolytic protease, amylase and biosurfactant by *Bacillus subtilis* PF1 using agro industrial waste. *Biotechnology Reports*, 10, pp.94-104.
- Blunt, J., Copp, B., Hu, W., Munro, M., Northcote, P. & Prinsep, M. (2007). Marine Natural Products. *ChemInform*, 38(22).
- Bowman, J. P., McCammon, S. A., & Dann, A. L. (2005). Biogeographic and quantitative analyses of abundant uncultivated γ -Proteobacterial clades from marine sediment. *Microbial Ecology*, 49(3), 451-460. doi:10.1007/s00248-004-0070-2
- Boyle, A., Häggblom, M. & Young, L. (1999). Dehalogenation of lindane (hexachlorocyclohexane) by anaerobic bacteria from marine sediments and by sulfate-reducing bacteria. *FEMS Microbiology Ecology*, 29(4), pp.379-387.
- Bracho, M., Díaz, L., & Soto, L. M. (2004). Degradación de hidrocarburos aromáticos por bacterias aisladas de suelos contaminados con petróleo en el estado Zulia, Venezuela. *Boletín del Centro de Investigaciones Biológicas*, 38(3).
- Breider, S., Scheuner, C., Schumann, P., Fiebig, A., Petersen, J., Pradella, S., . . . & Göker, M. (2014). Genome-scale data suggest reclassifications in the *Leisingera-Phaeobacter* cluster including proposals for *Sedimentitalea* gen. nov. and *Pseudophaeobacter* gen. nov. *Frontiers in Microbiology*, 5(AUG) doi:10.3389/fmicb.2014.00416
- Brinkhoff, T., Bach, G., Heidorn, T., Liang, L., Schlingloff, A., & Simon, M. (2004). Antibiotic Production by a *Roseobacter* Clade-Affiliated Species from the German Wadden Sea and Its Antagonistic Effects on Indigenous Isolates. *Applied and Environmental Microbiology*, 70(4), 2560–2565. <http://doi.org/10.1128/AEM.70.4.2560-2565.2003>
- Brown, B. A., & Wallace, R. J. (2002). Clinical and taxonomic status of pathogenic nonpigmented or late-pigmenting rapidly growing mycobacteria. *Clinical microbiology reviews*, 15(4), 716-746.
- Burton, D. T., & Turley, S. D. (1995). Reduction of hexahydro-1, 3, 5-trinitro-1, 3, 5-triazine (RDX) toxicity to the cladoceran *Ceriodaphnia dubia* following photolysis in sunlight. *Bulletin of environmental contamination and toxicology*, 55(1), 89-95.
- Castiblanco, A. L. (2014). Caracterización de la actividad enzimática y polimorfismos genéticos de butirilcolinesterasa (BCHE) en una población de trabajadores expuestos a plaguicidas inhibidores de

colinesterasa en el municipio de Soacha 2014 (Doctoral dissertation, Universidad Nacional de Colombia).

- CDB. (1992). Convenio Sobre la Diversidad Biológica. Recuperado el 19 de 05 de 2016, de <https://www.cbd.int/doc/legal/cbd-es.pdf> (13)
- Cébron, A., Norini, M., Beguiristain, T., & Leyval, C. (2008). Real-time PCR quantification of PAH-ring hydroxylating dioxygenase (PAH-RHD α) genes from gram positive and gram negative bacteria in soil and sediment samples. *Journal of Microbiological Methods*, 73(2), 148-159. doi:10.1016/j.mimet.2008.01.009
- Chardin, B., Giudici-Orticoni, M., De Luca, G., Guigliarelli, B., & Bruschi, M. (2003). Hydrogenases in sulfate-reducing bacteria function as chromium reductase. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 63(3), 315-321. doi:10.1007/s00253-003-1390-8
- Chávez, A. (2009). Conectividad de los Arrecifes Coralinos del Golfo de México y Caribe Mexicano. La Paz, BCS, México. (Doctoral dissertation).
- Chen, W. M., Moulin, L., Bontemps, C., Vandamme, P., Béna, G., & Boivin-Masson, C. (2003). Legume symbiotic nitrogen fixation by β -proteobacteria is widespread in nature. *Journal of bacteriology*, 185(24), 7266-7272
- Chen, Y., Yen, Y., Yang, C., Lee, M. S., Ho, C., Mena, K. D., Chen, P. (2014). The concentrations of ambient *Burkholderia pseudomallei* during typhoon season in endemic area of melioidosis in taiwan. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(5) doi:10.1371/journal.pntd.0002877
- Chua, P., Har, Z., Austin, C., Yule, C., Dykes, G., & Lee, S., (2015). Genome sequencing and annotation of *Cellulomonas* sp. HZM, Genomics Data, Volume 5, September 2015, Pages 40-41, ISSN 2213-5960, <http://doi.org/10.1016/j.gdata.2015.05.009>.
- Claros, G. (2003). Aproximación histórica a la biología molecular a través de sus protagonistas, los conceptos y la terminología fundamental. *Panace*, 4(12), 168.
- Collier, J. (2016). Cell cycle control in Alphaproteobacteria. *Current Opinion in Microbiology*, 30, 107-113. doi:10.1016/j.mib.2016.01.010
- CONABIO. (2008). Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Recuperado el 5 de 5 de 2016, de http://www.conabio.gob.mx/institucion/cooperacion_internacional/doctos/db_mexico.htm
- CONABIO. (2009). Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Recuperado el 23 de 5 de 2016, de http://www.biodiversidad.gob.mx/biodiversidad/que_es.html
- CONABIO. (2012). Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. Recuperado el 6 de 11 de 2015, de Biodiversidad Mexicana: <http://www.biodiversidad.gob.mx/ecosistemas/arrecifes.html>
- CONACyT. (2016). El Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología. Recuperado el 18 de 4 de 2016, de <http://www.conacyt.gob.mx/cibiogem/images/cibiogem/protocolo/LGEEPA.pdf>
- Coriell Institute. (2017). Coriell Institute for Medical Research. What is molecular biology? Recuperado el 18 de 4 de 2017, de <https://www.coriell.org/research-services/molecular-biology/what-is-molecular-biology>
- Corvalán, A. (2002). Biología molecular en Infectología: Parte I: Desarrollo y metodologías. *Revista chilena de infectología*, 19(1), 14-24.
- Cuevas, B. G. (2009). Remoción de hidrocarburos policíclicos aromáticos (HAP) utilizando reactores de suelos activados inoculados biológicamente (Doctoral dissertation).
- Dang, H., Li, J., Chen, R., Wang, L., Guo, L., Zhang, Z., & Klotz, M. G. (2010). Diversity, abundance, and spatial distribution of sediment ammonia-oxidizing Betaproteobacteria in response to environmental gradients and coastal eutrophication in Jiaozhou Bay, China. *Applied and Environmental Microbiology*, 76(14), 4691-4702. doi:10.1128/AEM.02563-09

- de Bello, F., Carmona, C. P., Lepš, J., Szava-Kovats, R., & Pärtel, M. (2016). Functional diversity through the mean trait dissimilarity: Resolving shortcomings with existing paradigms and algorithms. *Oecologia*, 180(4), 933-940. doi:10.1007/s00442-016-3546-0
- De Pasquale, C., Palazzolo, E., Piccolo, L. L., & Quatrini, P. (2012). Degradation of long-chain n-alkanes in soil microcosms by two actinobacteria. *Journal of Environmental Science and Health, Part A*, 47(3), 374-381.
- de Vries, M., Schöler, A., Ertl, J., Xu, Z., & Schloter, M. (2015). Metagenomic analyses reveal no differences in genes involved in cellulose degradation under different tillage treatments. *FEMS Microbiology Ecology*, 91(7) doi:10.1093/femsec/fiv069
- Devlin, M. J., & Brodie, J. (2005). Terrestrial discharge into the Great Barrier Reef Lagoon: nutrient behavior in coastal waters. *Marine pollution bulletin*, 51(1), 9-22.
- DIGAOHM-SEMAR. (Sin fecha). Dirección General Adjunta de Oceanografía, Hidrografía y Meteorología y Secretaría de Marina. Recuperado el 12 de 2 de 2017, de <http://digaohm.semar.gob.mx/cuestionarios/cnarioSisal.pdf>
- Dixon, R., & Kahn, D. (2004). Genetic regulation of biological nitrogen fixation. *Nature reviews. Microbiology*, 2(8), 621.
- Do, Y. S., Schmidt, T. M., Zahn, J. A., Boyd, E. S., de la Mora, A., & DiSpirito, A. A. (2003). Role of *Rhodobacter* sp. strain PS9, a purple non-sulfur photosynthetic bacterium isolated from an anaerobic swine waste lagoon, in odor remediation. *Applied and environmental microbiology*, 69(3), 1710-1720.
- Dyksma, S., Bischof, K., Fuchs, B. M., Hoffmann, K., Meier, D., Meyerdierks, A., . . . Mußmann, M. (2016). Ubiquitous Gammaproteobacteria dominate dark carbon fixation in coastal sediments. *ISME Journal*, 10(8), 1939-1953. doi:10.1038/ismej.2015.257
- Earth nullschool (2016) . Recuperado el 7 de 6 de 2016 de <https://earth.nullschool.net>
- Eguiarte, L. E., Souza, V., & Aguirre, X. (2007). Ecología molecular (Vol. 1). (I. N. Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales, Ed.) México D.F.
- Fabricius, K. E. (2005). Effects of terrestrial runoff on the ecology of corals and coral reefs: Review and synthesis. *Marine Pollution Bulletin*, 50(2), 125-146. doi:10.1016/j.marpolbul.2004.11.028
- Fan, W., Jia, Y., Li, X., Jiang, W., & Lu, L. (2012). Phytoavailability and geospeciation of cadmium in contaminated soil remediated by *Rhodobacter sphaeroides*. *Chemosphere*, 88(6), 751-756.
- Fang, J., Shizuka, A., Kato, C., & Schouten, S. (2006). Microbial diversity of cold-seep sediments in Sagami Bay, Japan, as determined by 16S rRNA gene and lipid analyses. *FEMS Microbiology Ecology*, 57(3), 429-441. doi:10.1111/j.1574-6941.2006.00126.x
- Fatima, N., Zareen, I., & Chaudhry, H., (2015). Alterations in the antibacterial potential of *Synechococcus spp.* PCC7942 under the influence of UV-B radiations on skin pathogens, *Saudi Journal of Biological Sciences*, Available online 23 October 2015, ISSN 1319-562X, <http://doi.org/10.1016/j.sjbs.2015.10.014>. (<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1319562X15002557>)
- FAO. (2004). Caracterización de peligros de patógenos en los alimentos y el agua. Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación, Organización Mundial de la Salud, Roma. <http://www.fao.org/3/a-y4666s.pdf>
- Fernández, A., García, C., Saéz, J. A., & Valdezate, S. (2010). Métodos de identificación bacteriana en el laboratorio de microbiología. Procedimientos en Microbiología Clínica. (E. C. Cantón, Ed.) *Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*.
- Fernández, H., Prandoni, N., Fernández-Pascual, M., Fajardo, S., Morcillo, C., Díaz, E., & Carmona, M. (2014).

- Azoarcus sp. CIB, an anaerobic biodegrader of aromatic compounds shows an endophytic lifestyle. *PloS one*, 9(10), e110771.
- Fuchsman, C. A., Staley, J. T., Oakley, B. B., Kirkpatrick, J. B., & Murray, J. W. (2012). Free-living and aggregate-associated *Planctomyces* in the black sea. *FEMS Microbiology Ecology*, 80(2), 402-416. doi:10.1111/j.1574-6941.2012.01306.x
- Fujinami, S., Takarada, H., Kasai, H., Sekine, M., Omata, S., Harada, T., . . . & Fujita, N. (2013). Complete genome sequence of *Ilumatobacter coccineum* YM16-304T. *Standards in Genomic Sciences*, 8(3) doi:10.4056/sigs.4007734
- Fukunaga, Y., Kurahashi, M., Sakiyama, Y., Ohuchi, M., Yokota, A., & Harayama, S. (2009). *Phycisphaera mikurensis* gen. nov., sp. nov., isolated from a marine alga, and proposal of Phycisphaeraceae fam. nov., Phycisphaerales ord. nov. and Phycisphaerae classis nov. in the phylum Planctomyces. *Journal of General and Applied Microbiology*, 55(4), 267-275. doi:10.2323/jgam.55.267
- Fukushima, H. & Seki, R. (2004). Ecology of *Vibrio vulnificus* and *Vibrio parahaemolyticus* in brackish environments of the Sada River in Shimane Prefecture, Japan. *FEMS Microbiology Ecology*, 48(2), pp.221-229.
- Gaidos, E., Rusch, A., & Ilardo, M. (2011). Ribosomal tag pyrosequencing of DNA and RNA from benthic coral reef microbiota: Community spatial structure, rare members and nitrogen-cycling guilds. *Environmental Microbiology*, 13(5), 1138-1152. doi:10.1111/j.1462-2920.2010.02392.x
- García, V., & Antillón, F. (1990). Isolation of enteropathogenic *Vibrio* in bivalves and mud from the Nicoya gulf, Costa Rica. [Aislamiento de vibrios enteropatógenos de bivalvos y cieno del Golfo de Nicoya, Costa Rica.] *Revista De Biología Tropical*, 38(2 B), 437-440.
- Garza, P. (2010). Reporte de Caracterización y Evaluación de Estado de Condición Arrecifal. Akumal, Q. Roo. (Informe) PIESACOM. UNAM
- Gibbons, S. M., Caporaso, J. G., Pirrung, M., Field, D., Knight, R., & Gilbert, J. A. (2013). Evidence for a persistent microbial seed bank throughout the global ocean. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 110(12), 4651-4655. doi:10.1073/pnas.1217767110
- Glöckner, F. O., Kube, M., Bauer, M., Teeling, H., Lombardot, T., Ludwig, W., . . . Reinhardt, R. (2003). Complete genome sequence of the marine *planctomyces* *pirellula* sp. strain 1. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 100(14), 8298-8303. doi:10.1073/pnas.1431443100
- Gobet, A., Böer, S. I., Huse, S. M., Van Beusekom, J. E. E., Quince, C., Sogin, M. L., . . . Ramette, A. (2012). Diversity and dynamics of rare and of resident bacterial populations in coastal sands. *ISME Journal*, 6(3), 542-553. doi:10.1038/ismej.2011.132
- Gómez, M. L., Hurtado, C., Dussán, J., Parra, J. P., & Narváez, S. (2006). Determinación de la capacidad de degradación de compuestos orgánicos persistentes por bacterias marinas aisladas de sedimentos del Caribe colombiano. *Actual Biología*, 28(85), 125-137.
- Gomila, M., Peña, A., Mulet, M., Lalucat, J., & García-Valdés, E. (2015). Phylogenomics and systematics in *Pseudomonas*. *Frontiers in Microbiology*, 6(MAR) doi:10.3389/fmicb.2015.00214
- Gonçalves, I., Cavalcanti, R., Ferreira, M., da Fonseca, D., Gontijo-Filho, P., & Marques, R. (2017). Carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa*: association with virulence genes and biofilm formation, *Brazilian Journal of Microbiology*, Volume 48, Issue 2, April–June 2017, Pages 211-217, ISSN 1517-8382, <http://doi.org/10.1016/j.bjm.2016.11.004>.
- Google Earth. (2016). Google Earth. Recuperado el 12 de 4 de 2016
- Gordillo, F., Chávez, F. & Jerez, C. (2007). Motility and chemotaxis of *Pseudomonas* sp. B4 towards

- polychlorobiphenyls and chlorobenzoates. *FEMS Microbiology Ecology*, 60(2), pp.322-328.
- Guo, F., Li, B., Yang, Y., Deng, Y., Qiu, J., Li, X., . . . Zhang, T. (2016). Impacts of human activities on distribution of sulfate-reducing prokaryotes and antibiotic resistance genes in marine coastal sediments of Hong Kong. *FEMS Microbiology Ecology*, 92(9) doi:10.1093/femsec/fiw128
- Gutierrez, T., Green, D., Whitman, W., Nichols, P., Semple, K. & Aitken, M. (2012). *Algiphilus aromaticivorans* gen. nov., sp. nov., an aromatic hydrocarbon-degrading bacterium isolated from a culture of the marine dinoflagellate *Lingulodinium polyedrum*, and proposal of Algiphilaceae fam. nov. *INTERNATIONAL JOURNAL OF SYSTEMATIC AND EVOLUTIONARY MICROBIOLOGY*, 62(Pt 11), pp.2743-2749.
- Haegeman, B., Sen, B., Godon, J. & Hamelin, J. (2014). Only simpson diversity can be estimated accurately from microbial community fingerprints. *Microbial Ecology*, 68(2), 169-172. doi:10.1007/s00248-014-0394-5
- Halpern, B. S., Walbridge, S., Selkoe, K. A., Kappel, C. V., Micheli, F., D'agrosa, C., ... & Fujita, R. (2008). A global map of human impact on marine ecosystems. *Science*, 319(5865), 948-952.
- Heald, S. C., Brandão, P. F. B., Hardicre, R., & Bull, A. T. (2001). Physiology, biochemistry and taxonomy of deep-sea nitrile metabolising *Rhodococcus* strains. *Antonie Van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology*, 80(2), 169-183. doi:10.1023/A:1012227302373
- Hernández, S., Martínez, J., & Pérez, L. (2015). Bacterias hidrocarbonoclasticas biodegradantes de poliestireno expandido. *Foresta Veracruzana*, 17(1) 21-28.
- Herrera, A., & Suárez, P. (2005). Indicadores bacterianos como herramientas para medir la calidad ambiental del agua costera. *Interciencia*, 30(3), 171-176. Recuperado en 24 de abril de 2017, de http://www.scielo.org.ve/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0378-18442005000300011&lng=es&tlng=es.
- Hill, T. C., Walsh, K. A., Harris, J. A., & Moffett, B. F. (2003). Using ecological diversity measures with bacterial communities. *FEMS Microbiology Ecology*, 43(1), 1-11. doi:10.1016/S0168-6496(02)00449-X
- Hurlbert, S. H. (1971). The nonconcept of species diversity: a critique and alternative parameters. *Ecology*, 52(4), 577-586.
- Iltis, H. H. (1970). Man first? Man last? The paradox of human ecology. *BioScience*, 20(14), 820-820.
- Imzilin, B., Krovacek, K., Baloda, S., Kühn, I., Gonzalez-Rey, C. & Svenson, S. (1998). Characterisation of potential virulence markers in *Aeromonas caviae* isolated from polluted and unpolluted aquatic environments in Morocco. *FEMS Microbiology Ecology*, 27(2), pp.153-161.
- INECC. (1997). Instituto Nacional de Ecología, Secretaria de Medio Ambiente, Recursos Naturales y Pesca. Programa de Manejo del Parque Nacional Isla Contoy. 1. México D.F.: Coordinación de Publicaciones y Participación Social del INE.
- INECC. (2000). Instituto Nacional de Ecología, Secretaria de Medio Ambiente, Recursos Naturales y Pesca. Programa de Manejo del Parque Nacional Arrecife de Puerto Morelos. 1. (E. y. Dirección de Publicaciones de la Dirección Ejecutiva de Participación Social, Ed.) México, D.F.
- INECC. (2007). Instituto Nacional de Ecología. Recuperado el 20 de 5 de 2016, de <http://www2.inecc.gob.mx/publicaciones/libros/2/int.html>
- INEGI. (2010). Instituto Nacional de Estadística y Geografía, Censo de población y vivienda 2010, Recuperado el 18 de 4 de 2017, de <http://www.beta.inegi.org.mx/app/areasgeograficas/>
- Ismael, A. A. (2012). Benthic bloom of Cyanobacteria associated with fish mortality in alexandria waters. *Egyptian Journal of Aquatic Research*, 38(4), 241-247. doi:10.1016/j.ejar.2013.01.001
- ISME. (2013). International Society for Microbial Ecology. What is microbial ecology? Recuperado el 18 de 4 de

2017, de <http://www.isme-microbes.org/whatis>

- Izumi, H., Sagulenko, E., Webb, R. I., & Fuerst, J. A. (2013). Isolation and diversity of Planctomycetes from the sponge niphates sp., seawater, and sediment of moreton bay, australia. *Antonie Van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology*, 104(4), 533-546. doi:10.1007/s10482-013-0003-5
- Jackson, B. E., & McLnerney, M. J. (2000). Thiosulfate disproportionation by *Desulfotomaculum thermobenzoicum*. *Applied and Environmental Microbiology*, 66(8), 3650-3653. doi:10.1128/AEM.66.8.3650-3653.2000
- Jackson, C. R., Roden, E. E., & Churchill, P. F. (2000). Denaturing gradient gel electrophoresis can fail to separate 16S rDNA fragments with multiple base differences. *Mol Biol Today*, 1(2), 49-51.
- Jardillier, L., Basset, M., Domaizon, I., Belan, A., Amblard, C., Richardot, M., & Debroas, D. (2004). Bottom-up and top-down control of bacterial community composition in the euphotic zone of a reservoir. *Aquatic microbial ecology*, 35(3), 259-273.
- Jensen, S. I., Kühl, M., & Priemé, A. (2007). Different bacterial communities associated with the roots and bulk sediment of the seagrass *zostera marina*. *FEMS Microbiology Ecology*, 62(1), 108-117. doi:10.1111/j.1574-6941.2007.00373.x
- Jordán, E., & Rodríguez, R. E. (2003). The Atlantic coral reefs of Mexico. (J. Cortés, Ed.) *Latin American Coral Reefs*, 131-158
- Jordán, E., Maldonado, M. A., & Rodríguez, R. E. (2005). Diseases and partial mortality in *Montastraea annularis* species complex in reefs with differing environmental conditions (NW Caribbean and Gulf of Mexico). *Diseases of aquatic organisms*, 63(1), 3-12.
- Joseph, S. W., Carnahan, A., Rollins, D., & Walker, R. I. (1988). *Aeromonas* and *Plesiomonas* in the environment: Value of differential biotyping of aeromonads. *Journal of Diarrhoeal Diseases Research*, 6(2), 80-87.
- Jun-Im, S. (2016). New Records of Cold-Water Corals from Korea. *Animal Systematics, Evolution and Diversity*, 32(3), 197.
- Kadouri, D., & O'Toole, G. A. (2005). Susceptibility of biofilms to *Bdellovibrio bacteriovorus* attack. *Applied and Environmental Microbiology*, 71(7), 4044-4051. doi:10.1128/AEM.71.7.4044-4051.2005
- Karl, D. M., & Church, M. J. (2014). Microbial oceanography and the Hawaii Ocean Time-series programme. *Nature Reviews Microbiology*, 12(10), 699-713.
- Keating, C., Chin, J. P., Hughes, D., Manesiotis, P., Cysneiros, D., Mahony, T., . . . O'Flaherty, V. (2016). Biological phosphorus removal during high-rate, low-temperature, anaerobic digestion of wastewater. *Frontiers in Microbiology*, 7(MAR) doi:10.3389/fmicb.2016.00226
- Kirchman, D. L. (2002). The ecology of cytophaga-flavobacteria in aquatic environments. *FEMS Microbiology Ecology*, 39(2), 91-100. doi:10.1016/S0168-6496(01)00206-9
- Kobayashi, J., Yoshimune, K., Komoriya, T. & Kohno, H. (2011). Efficient hydrogen production from acetate through isolated *Rhodobacter sphaeroides*. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 112(6), pp.602-605.
- Koo, H., Mojib, N., Thacker, R. W., & Bej, A. K. (2014). Comparative analysis of bacterial community-metagenomics in coastal gulf of mexico sediment microcosms following exposure to macondo oil (MC252). *Antonie Van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology*, 106(5), 993-1009. doi:10.1007/s10482-014-0268-3
- Kuever, J. (2014). The prokaryotes: Deltaproteobacteria and epsilonproteobacteria. Fourth Edition (pp. 143-144) doi:10.1007/978-3-642-39044-9_266
- Lage, O. M., & Bondoso, J. (2011). Planctomycetes diversity associated with macroalgae. *FEMS Microbiology*

Ecology, 78(2), 366-375. doi:10.1111/j.1574-6941.2011.01168.x

- Lara, M., 2010. Importancia de la diversidad y ecología marina microbiana en los ecosistemas marinos costeros, p. 277-288. En: E. Rivera-Arriaga, I. Azuz-Adeth, L. Alpuche Gual y G.J. Villalobos-Zapata (eds.). Cambio Climático en México un Enfoque Costero-Marino. Universidad Autónoma de Campeche CetyUniversidad, Gobierno del Estado de Campeche. 944 p.
- Leyton, Y., & Riquelme, C. (2008). *Vibrios* en los sistemas marinos costeros. *Revista de biología marina y oceanografía*, 43(3), 441-456. <https://dx.doi.org/10.4067/S0718-19572008000300004>
- Li, M., & Gu, J. (2016). The diversity and distribution of anammox bacteria in the marine aquaculture zones. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 100(20), 8943-8953. doi:10.1007/s00253-016-7690-6
- Li, W. K. (1994). Primary production of prochlorophytes, cyanobacteria, and eucaryotic ultraphytoplankton: measurements from flow cytometric sorting. *Limnology and Oceanography*, 39(1), 169-175.
- Linares, J., & Moratilla, B. (2007). El hidrógeno y la energía. *Avances de ingeniería. Asociación Nacional de Ingenieros del ICAI. Madrid. ISBN: 978-84-932772-9-1*
- Liu, H., Campbell, L., Landry, M. R., Nolla, H. A., Brown, S. L., & Constantinou, J. (1998). Prochlorococcus and Synechococcus growth rates and contributions to production in the Arabian Sea during the 1995 Southwest and Northeast Monsoons. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*, 45(10-11), 2327-2352.
- Liu, J., Liu, X., Wang, M., Qiao, Y., Zheng, Y., & Zhang, X. (2015). Bacterial and archaeal communities in sediments of the north chinese marginal seas. *Microbial Ecology*, 70(1), 105-117. doi:10.1007/s00248-014-0553-8
- López, P.J., Salazar, S., Figueroa, Y., López, J., & Fuentes, J. (2009). Calidad bacteriológica y fisicoquímica de aguas y sedimentos de cuatro playas de las costas del estado Nueva Esparta. *CIENCIA* 17(4), 271 - 280.
- Luo, Q., Zhang, J., Shen, X., Fan, Z., He, Y., & Hou, D. (2013). Isolation and characterization of marine diesel oil-degrading *Acinetobacter* sp. strain Y2. *Annals of Microbiology*, 63(2), 633-640. doi:10.1007/s13213-012-0513-9
- Madetoja, J., Nystedt, S. & Wiklund, T. (2003). Survival and virulence of *Flavobacterium psychrophilum* in water microcosms. *FEMS Microbiology Ecology*, 43(2), pp.217-223.
- Malham, S. K., Rajko-Nenow, P., Howlett, E., Tuson, K. E., Perkins, T. L., Pallett, D. W., & McDonald, J. E. (2014). The interaction of human microbial pathogens, particulate material and nutrients in estuarine environments and their impacts on recreational and shellfish waters. *Environmental Sciences: Processes and Impacts*, 16(9), 2145-2155. doi:10.1039/c4em00031e
- Marinus, M. G., & Casadesus, J. (2009). Roles of DNA adenine methylation in host-pathogen interactions: Mismatch repair, transcriptional regulation, and more. *FEMS Microbiology Reviews*, 33(3), 488-503. doi:10.1111/j.1574-6976.2008.00159.x
- Masák, J., Čejková, A., Schreiberová, O., & Řezanka, T. (2014) Pseudomonas biofilms: possibilities of their control. *FEMS Microbiol Ecol* 89 (1): 1-14. doi: 10.1111/1574-6941.12344
- Masscheleyn, P. H., Delaune, R. D., & Patrick Jr., W. H. (1990). Transformations of selenium as affected by sediment oxidation-reduction potential and pH. *Environmental Science and Technology*, 24(1), 91-96.
- Matsumoto, A., Kasai, H., Matsuo, Y., Shizuri, Y., Ichikawa, N., Fujita, N., . . . Takahashi, Y. (2013). *Ilumatobacter nonamiense* sp. nov. and *ilumatobacter coccineum* sp. nov., isolated from seashore sand. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 63(PART9), 3404-3408. doi:10.1099 /ijs.0.047316-0
- McAllister, S. M., Davis, R. E., McBeth, J. M., Tebo, B. M., Emerson, D., & Moyer, C. L. (2011). Biodiversity and emerging biogeography of the neutrophilic iron-oxidizing Zetaproteobacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 77(15), 5445-5457. doi:10.1128/AEM.00533-11

- Merugu, R., Prashanthi, Y., Sarojini, T., & Badgu, N. (2014). Bioremediation of waste waters by the anoxygenic photosynthetic bacterium *Rhodobacter sphaeroides* SMR 009. *International Journal of Research in Environmental Science and Technology*, 4(1), 16-19.
- Miller, C. S., Handley, K. M., Wrighton, K. C., Frischkorn, K. R., Thomas, B. C., & Banfield, J. F. (2013). Short-read assembly of full-length 16S amplicons reveals bacterial diversity in subsurface sediments. *PLoS ONE*, 8(2) doi:10.1371/journal.pone.0056018
- Minot, S. S., Krumm, N., & Greenfield, N. B. (2015). One Codex: A Sensitive and Accurate Data Platform for Genomic Microbial Identification. *bioRxiv*, 027607.
- Moberg, F., & Folke, C. (1999). Ecological goods and services of coral reef ecosystems. *Ecological economics*, 29(2), 215-233.
- Morales, A., Garland, J., Lim, D. (1996); Survival of potentially pathogenic human-associated bacteria in the rhizosphere of hydroponically grown wheat. *FEMS Microbiol Ecol*; 20 (3): 155-162. doi: 10.1111/j.1574-6941.1996.tb00314.x
- Moreno, C. E. (2001). Métodos para medir la biodiversidad. M&T–Manuales y Tesis SEA, vol. 1. Zaragoza, 84 pp.
- Morozova, T. V., Orlova, T. Y., Efimova, K. V., Lazaryuk, A. Y., & Burov, B. A. (2016). *Scrippsiella trochoidea* cysts in recent sediments from Amur Bay, sea of Japan: Distribution and phylogeny. *Botanica Marina*, 59(2-3), 159-172. doi:10.1515/bot-2015-0057
- Moseman, S. M., Zhang, R., Qian, P. Y., & Levin, L. A. (2009). Diversity and functional responses of nitrogen-fixing microbes to three wetland invasions. *Biological Invasions*, 11(2), 225-239. doi:10.1007/s10530-008-9227-0
- Nagelkerken, I., Van der Velde, G., Gorissen, M. W., Meijer, G. J., Van't Hof, T., & Den Hartog, C. (2000). Importance of mangroves, seagrass beds and the shallow coral reef as a nursery for important coral reef fishes, using a visual census technique. *Estuarine, coastal and shelf science*, 51(1), 31-44.
- NOAA. (2013). The National Oceanic and Atmospheric Administration. Recuperado el 6 de 11 de 2015, de NOAA Coral Reef Conservation Program: <http://coralreef.noaa.gov/aboutcorals/coral101/anatomy/>
- NOAA. (2015). The National Oceanic and Atmospheric Administration. Recuperado el 6 de 11 de 2015, de NOAA Fisheries: <http://www.nmfs.noaa.gov/pr/species/invertebrates/corals.htm>
- O'Connor, A., Rivera, A. J., De los Santos, C., López, L. K., Peña, Y. J., & Prieto, A. (2014). Acidobacteria appear to dominate the microbiome of two sympatric caribbean sponges and one zoanthid. *Biological Research*, 47(1) doi:10.1186/0717-6287-47-67
- O'Sullivan, L. A., Fuller, K. E., Thomas, E. M., Turley, C. M., Fry, J. C., & Weightman, A. J. (2004). Distribution and culturability of the uncultivated 'AGG58 cluster' of the Bacteroidetes phylum in aquatic environments. *FEMS Microbiology Ecology*, 47(3), 359-370. doi:10.1016/S0168-6496(03)00300-3
- Ohno, Y., Iguchi, A., Shinzato, C., Gushi, M., Inoue, M., Suzuki, A., ... & Nakamura, T. (2017). Calcification process dynamics in coral primary polyps as observed using a calcein incubation method. *Biochemistry and Biophysics Reports*, 9, 289-294.
- Olubukola, O. (2003). Molecular techniques: An overview of methods for the detection of bacteria. *African Journal of Biotechnology*, 2(12), pp.710-713.
- OMS. (Sin fecha). Organización Mundial de la Salud. Recuperado el 8 de 4 de 2017, de http://www.who.int/water_sanitation_health/dwq/gdwq3_es_7_fig.pdf
- Ongley, E. D. (1997). Lucha contra la contaminación agrícola de los recursos hídricos. Estudio FAO: Riego y drenaje 55. Roma: Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO).

- Orellana, O. (2002). Perspectives in sequentation of bacterial genomes: new strategies in the development of antimicrobial therapies. *Revista chilena de infectología*, 19(Suppl. 1), S46-S49. Retrieved May 24, 2016, from http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0716-10182002019100009&lng=en&tlng=en.10.4067/S0716-10182002019100009.
- Ortiz, A. (2005). Los Arrecifes de Coral. (A. Rodríguez, Ed.) Mayagüez, Puerto Rico: Sea Grant.
- Paerl, H. W., Gardner, W. S., Havens, K. E., Joyner, A. R., McCarthy, M. J., Newell, S. E., . . . Scott, J. T. (2016). Mitigating cyanobacterial harmful algal blooms in aquatic ecosystems impacted by climate change and anthropogenic nutrients. *Harmful Algae*, 54, 213-222. doi:10.1016/j.hal.2015.09.009
- Pérez, M., & Aldana, D. (2003). Actividad reproductiva de *Strombus gigas* (Mesogasteropoda: Strombidae) en diferentes hábitats del Arrecife Alacranes, Yucatán. *Biología Tropical*, 51 (4), 119-126
- Paissé, S., Goñi-Urriza, M., Stadler, T., Budzinski, H., & Duran, R. (2012). Ring-hydroxylating dioxygenase (RHD) expression in a microbial community during the early response to oil pollution. *FEMS Microbiol Ecol*; 80 (1): 77-86. doi: 10.1111/j.1574-6941.2011.01270.x
- Pankratov, T. A., Dedysh, S. N., & Zavarzin, G. A. (2006). The leading role of actinobacteria in aerobic cellulose degradation in Sphagnum peat bogs. In *Doklady Biological Sciences* (Vol. 410, No. 1, pp. 428-430). MAIK Nauka/Interperiodica.
- Pla, L. (2006). Biodiversidad: Inferencia basada en el índice de Shannon y la riqueza. *Interciencia*, 31(8), 583-590. Recuperado el 08 de 11 de 2016, de http://www.scielo.org.ve/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0378-18442006000800008
- Pourcher, A., Sutra, L., Hébé, I., Moguedet, G., Bollet, C., Simoneau, P., Gardan, L.; (2001) Enumeration and characterization of cellulolytic bacteria from refuse of a landfill . *FEMS Microbiol Ecol*; 34 (3): 229-241. doi: 10.1111/j.1574-6941.2001.tb00774.x
- PROMEGA, (Sin fecha). Worldwide Promega. Quantus™ Fluorometer: Simple, Sensitive DNA and RNA Quantitation, Recuperado el 22 de 4 de 2017, de <https://worldwide.promega.com/products/fluorometers-luminometers-multimode-readers/fluorometers/quantus-fluorometer-simple-quantitation/?tabset0=1>.
- Reyes, H., & Cruz, G. (2000). Biogeografía de los corales ahermatípicos (Scleractinia) del Pacífico de México. *Ciencias Marinas*, 26(3), 511-531.
- Reyes, H., González, S., Cruz, G., & Calderón, L. E. (2007). Corales pétreos. Bahía de los Ángeles: recursos naturales y comunidad, edited by: Danemann, G. and Ezcurra, E., *Línea Base*, 291-318.
- Roalkvam, I., Jørgensen, S. L., Chen, Y., Stokke, R., Dahle, H., Hocking, W. P., . . . & Steen, I. H. (2011). New insight into stratification of anaerobic methanotrophs in cold seep sediments. *FEMS Microbiology Ecology*, 78(2), 233-243. doi:10.1111/j.1574-6941.2011.01153.x
- Robidoux, P. Y., Hawari, J., Thiboutot, S., Ampleman, G., & Sunahara, G. I. (2001). Chronic toxicity of octahydro-1, 3, 5, 7-tetranitro-1, 3, 5, 7-tetrazocine (HMX) in soil determined using the earthworm (*Eisenia andrei*) reproduction test. *Environmental Pollution*, 111(2), 283-292.
- Rodicio, M. R., & Mendoza, M. C. (2004). Identification of bacteria through 16S rRNA sequencing: principles, methods and applications in clinical microbiology. *Enfermedades infecciosas y microbiología clínica*, 22(4), 238-245.
- Rojas, R., Narváez, J., Zamudio, M., Mena, M.E. (2008). A Simple Silica-based Method for Metagenomic DNA Extraction from Soil and Sediments. *Mol Biotechnol*. 40:13-17.
- Rusch, D. B., Halpern, A. L., Sutton, G., Heidelberg, K. B., Williamson, S., Yooseph, S., ... & Beeson, K. (2007). The Sorcerer II global ocean sampling expedition: northwest Atlantic through eastern tropical Pacific. *PLoS Biol*, 5(3), e77.

- Sayler, G. S., Perkins, R. E., & Sherrill, T. W. (1983). Microcosm and experimental pond evaluation of microbial community response to synthetic oil contamination in freshwater sediments. *Applied and Environmental Microbiology*, 46(1), 211-219
- Schlaeppli, K., & Bulgarelli, A. (2015). The Plant Microbiome at Work. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 28(3), 212-217
- Schmieder, R., Lim, YW., Rohwer, M., Edwards, R. (2010). TagCleaner: Identification and removal of tag sequences from genomic and metagenomic datasets. *BMC Bioinformatics*, 11: 341. [PMID: 20573248]
- SEMA. (2015). Secretaría de Ecología y Medio Ambiente. Recuperado el 4 de 5 de 2016, de http://www.sema.gob.mx/descargas/legal/leyes/Ley_GVS_enero_2015.pdf
- Sharma, K., Kumar, R., Panwar, S. & Kumar, A. (2017). Microbial alkaline proteases: Optimization of production parameters and their properties. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*.
- Sharp, C. E., Martínez-Lorenzo, A., Brady, A. L., Grasby, S. E., & Dunfield, P. F. (2014). Methanotrophic bacteria in warm geothermal spring sediments identified using stable-isotope probing. *FEMS Microbiology Ecology*, 90(1), 92-102. doi:10.1111/1574-6941.12375
- Silva, C. C., Hayden, H., Sawbridge, T., Mele, P., De Paula, S. O., Silva, L. C. F., . . . Oliveira, V. M. (2013). Identification of genes and pathways related to phenol degradation in metagenomic libraries from petroleum refinery wastewater. *PLoS ONE*, 8(4) doi:10.1371/journal.pone.0061811
- Simarro, R., González, N., Bautista, L., & Molina, M; (2013) Biodegradation of high-molecular-weight polycyclic aromatic hydrocarbons by a wood-degrading consortium at low temperatures. *FEMS Microbiol Ecol*; 83 (2): 438-449. doi: 10.1111/1574-6941.12006
- Simon, M., Scheuner, C., Meier-Kolthoff, J., Brinkhoff, T., Wagner-Döbler, I., Ulbrich, M., Klenk, H., Schomburg, D., Petersen, J., & Göker, M. (2017). Phylogenomics of Rhodobacteraceae reveals evolutionary adaptation to marine and non-marine habitats. *ISME J*, advance online.
- Singer, E., Bushnell, B., Coleman-Derr, D., Bowman, B., Bowers, R. M., Levy, A., ... & Hallam, S. J. (2016). High-resolution phylogenetic microbial community profiling. *The ISME journal*, 10(8), 2020-2032.
- Sørensen, K. B., Glazer, B., Hannides, A., & Gaidos, E. (2007). Spatial structure of the microbial community in sandy carbonate sediment. *Marine Ecology Progress Series*, 346, 61-74. doi:10.3354/meps06996
- Stevens, H., Stübner, M., Simon, M., & Brinkhoff, T. (2005); Phylogeny of Proteobacteria and Bacteroidetes from oxic habitats of a tidal flat ecosystem. *FEMS Microbiol Ecol*; 54 (3): 351-365. doi: 10.1016/j.femsec.2005.04.008
- Stirling, G. and Wilsey, B. (2001). Empirical Relationships between Species Richness, Evenness, and Proportional Diversity. *The American Naturalist*, 158(3), pp.286-299.
- Stolp, H., & Starr, M. P. (1963). *Bdellovibrio bacteriovorus* gen. et sp. n., a predatory, ectoparasitic, and bacteriolytic microorganism. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 29(1), 217-248. doi:10.1007/BF02046064
- Stylo, M., Neubert, N., Roebbert, Y., Weyer, S., & Bernier-Latmani, R. (2015). Mechanism of uranium reduction and immobilization in *Desulfovibrio vulgaris* biofilms. *Environmental Science and Technology*, 49(17), 10553-10561. doi:10.1021/acs.est.5b01769
- Suenaga, H., Ohnuki, T., & Miyazaki, K. (2007). Functional screening of a metagenomic library for genes involved in microbial degradation of aromatic compounds. *Environmental Microbiology*, 9(9), 2289-2297. doi:10.1111/j.1462-2920.2007.01342.x
- Tavares, T. C. L., Normando, L. R. O., de Vasconcelos, A. T. R., Gerber, A. L., Agnez-Lima, L. F., & Melo, V. M. M. (2016). Metagenomic analysis of sediments under seaports influence in the equatorial atlantic ocean. *Science of the Total Environment*, 557-558, 888-900. doi:10.1016/j.scitotenv.2016.03.141

- Teramoto, M., Ohuchi, M., Hatmanti, A., Darmayati, Y., Widyastuti, Y., Harayama, S. & Fukunaga, Y. (2010). *Oleibacter marinus* gen. nov., sp. nov., a bacterium that degrades petroleum aliphatic hydrocarbons in a tropical marine environment. *INTERNATIONAL JOURNAL OF SYSTEMATIC AND EVOLUTIONARY MICROBIOLOGY*, 61(2), pp.375-380.
- Thermo Scientific. (2013). Nucleic Acid Purity Ratios. Recuperado el 20 de 4 de 2017, de NanoDrop: <http://www.nanodrop.com/Library/T042-NanoDrop-Spectrophotometers-Nucleic-Acid-Purity-Ratios.pdf>
- Toledo, V. M. (1994). La diversidad biológica de México. Nuevos retos para la investigación de los noventa. *Ciencias*, (034).
- Toledo, V. M. (2005). Repensar la conservación: ¿Áreas naturales protegidas o estrategia bioregional?. *Gaceta ecológica*, (77), 67-83.
- Torres, M. R., & Calva, L. G. (2012). Nutrientes en arrecifes de coral. Un caso de estudio. *Contactos*, 85(1), (42-50)
- Torsvik, V., Øvreås, L., & Thingstad, T. F. (2002). Prokaryotic diversity - magnitude, dynamics, and controlling factors. *Science*, 296(5570), 1064-1066. doi:10.1126/science.1071698
- U.V. (2016). Universidad Veracruzana Centro de Estudios y Servicios en Salud. Recuperado el 23 de 5 de 2016, de <https://www.uv.mx/veracruz/cess/servicios/biologia-molecular/>
- Ulanova, D., & Goo, K. (2014). Diversity of actinomycetes isolated from subseafloor sediments after prolonged low-temperature storage. *Folia Microbiologica*, doi:10.1007/s12223-014-0361-z
- Uthicke, S., & McGuire, K. (2007). Bacterial communities in great barrier reef calcareous sediments: Contrasting 16S rDNA libraries from nearshore and outer shelf reefs. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 72(1-2), 188-200. doi:10.1016/j.ecss.2006.10.017
- Valenzuela, F., Casillas, R., Villalpando, E., & Vargas, F. (2015). The 16s rRNA gene in the study of marine microbial communities. [El Gen ARNr 16s en el estudio de comunidades microbianas marinas]. *Ciencias Marinas*, 41(4), 297-313. doi:10.7773/cm.v41i4.2492
- Venter, J. C., Remington, K., Heidelberg, J. F., Halpern, A. L., Rusch, D., Eisen, J. A., ... & Fouts, D. E. (2004). Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea. *Science*, 304(5667), 66-74.
- Ventura, M., Canchaya, C., Tauch, A., Chandra, G., Fitzgerald, G. F., Chater, K. F., & Van Sinderen, D. (2007). Genomics of actinobacteria: Tracing the evolutionary history of an ancient phylum. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 71(3), 495-548. doi:10.1128/MMBR.00005-07
- Vierheilig, J., Farnleitner, A. H., Kollanur, D., Blöschl, G., & Reischer, G. H. (2012). High abundance of genetic bacteroidetes markers for total fecal pollution in pristine alpine soils suggests lack in specificity for feces. *Journal of Microbiological Methods*, 88(3), 433-435. doi:10.1016/j.mimet.2012.01.009
- Vos, M., & Didelot, X. (2009). A comparison of homologous recombination rates in bacteria and archaea. *ISME Journal*, 3(2), 199-208. doi:10.1038/ismej.2008.93
- Vullo, D. (2003). Microorganismos y metales pesados: una interacción en beneficio del medio ambiente. *Revista QupimicaViva*. Vol. 2, número 3, 2003
- Walsh, E. A., Kirkpatrick, J. B., Rutherford, S. D., Smith, D. C., Sogin, M., & Hondt, S. D. (2015). Bacterial diversity and community composition from seasurface to subseafloor. *The ISME Journal*, 1-11.
- Wang, L., Liu, L., Zheng, B., Zhu, Y., & Wang, X. (2013). Analysis of the bacterial community in the two typical intertidal sediments of bohai bay, china by pyrosequencing. *Marine Pollution Bulletin*, 72(1), 181-187. doi:10.1016/j.marpolbul.2013.04.005
- Wang, Y., Sheng, H. F., He, Y., Wu, J. Y., Jiang, Y. X., Tam, N. F. Y., & Zhou, H. W. (2012). Comparison of the levels of bacterial diversity in freshwater, intertidal wetland, and marine sediments by using millions of Illumina

tags. *Applied and environmental microbiology*, 78(23), 8264-8271.

- Ward, B. B., Eveillard, D., Kirshtein, J. D., Nelson, J. D., Voytek, M. A. & Jackson, G. A. (2007), Ammonia-oxidizing bacterial community composition in estuarine and oceanic environments assessed using a functional gene microarray. *Environmental Microbiology*, 9: 2522–2538. doi:10.1111/j.1462-2920.2007.01371.x
- Wattam, A. R., Davis, J. J., Assaf, R., Boisvert, S., Brettin, T., Bun, C., . . . Stevens, R. L. (2017). Improvements to PATRIC, the all-bacterial bioinformatics database and analysis resource center. *Nucleic Acids Research*, 45(D1), D535-D542. doi:10.1093/nar/gkw1017
- Wattam, A.R., D. Abraham, O. Dalay, T.L. Disz, T. Driscoll, J.L. Gabbard, J.J. Gillespie, R. . . . Sobral, B. (2014). "PATRIC, the bacterial bioinformatics database and analysis resource." *Nucl Acids Res* 42 (D1): D581-D591. doi:10.1093/nar/gkt1099. PMID: 24225323.
- Whitman, W. B., Coleman, D. C., & Wiebe, W. J. (1998). Prokaryotes: The unseen majority. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 95(12), 6578-6583. doi:10.1073/pnas.95.12.6578
- Wood, R. (1993). Nutrients, predation and the history of reef-building. *Palaios*, 526-543.
- Wu, H., Fang, Y., Yu, J., & Zhang, Z. (2014). The quest for a unified view of bacterial land colonization. *ISME Journal*, 8(7), 1358-1369. doi:10.1038/ismej.2013.247
- Yamaguchi, H., Arisaka, H., Seki, M., Adachi, M., Kimura, K., & Tomaru, Y. (2016). Phosphotriesterase activity in marine bacteria of the genera *Phaeobacter*, *Ruegeria*, and *Thalassospira*. *International Biodeterioration and Biodegradation*, 115, 186-191. doi:10.1016/j.ibiod.2016.08.019
- Yáñez, A., & Day J., (2010). La zona costera frente al cambio climático: vulnerabilidad de un sistema biocomplejo e implicaciones en el manejo costero, p. 3-22. En: E. Rivera-Arriaga, I. Azuz-Adeath, L. Alpuche Gual y G.J. Villalobo-Zapata (eds.). *Cambio Climático en México un Enfoque Costero-Marino*. Universidad Autónoma de Campeche Cetys-Universidad, Gobierno del Estado de Campeche. 944 p.
- Yoon, J., & Kasai, H. (2014). *Sunxiuqinia rutila* sp. nov., a new member of the phylum bacteroidetes isolated from marine sediment. *Journal of General and Applied Microbiology*, 60(1), 28-32. doi:10.2323/jgam.60.28
- Zarco, S., Mascaró, M., Garza, R., & Simoes, N. (2013). Topografía y comunidad coralina de los arrecifes de Sisal, Banco de Campeche, Yucatán, México. *Hidrobiológica*, 23(1), 28-41.
- Zehr, J. P., Mellon, M., Braun, S., Litaker, W., Steppe, T., & Paerl, H. W. (1995). Diversity of heterotrophic nitrogen fixation genes in a marine cyanobacterial mat. *Applied and Environmental Microbiology*, 61(7), 2527-2532.
- Zhang, G., Cao, T., Ying, J., Yang, Y., & Ma, L. (2014). Diversity and novelty of Actinobacteria in arctic marine sediments. *Antonie Van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology*, 105(4), 743-754. doi:10.1007/s10482-014-0130-7
- Zhang, J., Kobert, K., Flouri, T., & Stamatakis, A. (2014). PEAR: A fast and accurate Illumina Paired-End reAd merger. *Bioinformatics* 30(5): 614-620.
- Zhao, J., Manno, D., & Hawari, J. (2007); Abundance and diversity of octahydro-1,3,5,7-tetranitro-1,3,5,7-tetrazocine (HMX)-metabolizing bacteria in UXO-contaminated marine sediments. *FEMS Microbiol Ecol*; 59 (3): 706-717. doi: 10.1111/j.1574-6941.2006.00248.x
- Zheng, B., Wang, L., & Liu, L. (2014). Bacterial community structure and its regulating factors in the intertidal sediment along the liaodong bay of bohai sea, china. *Microbiological Research*, 169(7-8), 585-592. doi:10.1016/j.micres.2013.09.019
- Zhou, A., Hillesland, K. L., He, Z., Schackwitz, W., Tu, Q., Zane, G. M., . . . Zhou, J. (2015). Rapid selective sweep of pre-existing polymorphisms and slow fixation of new mutations in experimental evolution of *Desulfovibrio vulgaris*. *ISME Journal*, 9(11), 2360-2372. doi:10.1038/ismej.2015.45

10. ANEXOS

A. Parámetros Físicoquímicos

Arrecife Sisal

Punto	Lugar	Temp (°C)	Cond. (µs/cm)	TDS (g/L)	Salin.	% OD	OD (mg/L)	pH	ORP	Zona
1	Bajo de 10	26.1	50880	32.37	32.57	109	8.6	8.02	ND	-

Tabla 21. Parámetros Físicoquímicos Arrecife Sisal

Parque Nacional Isla Contoy

Punto	Lugar	Temp (°C)	Cond. (µs/cm)	TDS (g/L)	Salin.	% OD	OD (mg/L)	pH	ORP	Zona
1	Otro Islache	28.19	47109	28.84	28.54	2.3	0.13	7.45	54.5	1
2	Otro Islache	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	1
3	Islache	27.38	46330	28.81	28.56	105.0	7.05	7.35	64.1	2
4	Islache	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	2
5	Islache	27.70	46704	28.84	28.57	1.5	0.10	7.59	62.2	2
6	Punta Sur	28.50	47320	28.84	28.55	0.3	0.02	7.71	58.1	3
7	Las 3 Coronas	28.33	47120	28.75	28.53	0.5	0.03	7.44	71.4	3
8	Bocana de Puerto viejo	28.60	47250	28.90	28.64	1.0	0.05	7.15	62.8	3
9	Campamento pesquero	28.93	47510	28.68	28.56	0.3	0.01	7.43	60.4	3
10	Los Morros Ismapoil	28.14	46875	28.82	28.55	0.2	0.01	7.53	57.1	3

Tabla 22. Parámetros Físicoquímicos Parque Nacional Isla Contoy

Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos

Punto	Lugar	Temp (°C)	Cond. (µs/cm)	TDS (g/L)	Salin.	% OD	OD (mg/L)	pH	ORP	Zona
1	Frontal Puerto Morelos	28.68	47280	28.75	28.45	97.7	6.40	7.49	77.3	1
2	Fish Marketing	28.96	47399	28.65	28.34	170.5	10.11	7.09	43.7	1
3	La Pared	28.96	47590	28.82	28.46	43.2	0.400	7.63	60.9	1
4	Jardines profundo	29.30	47650	28.78	28.48	-0.7	-0.04	7.57	48.8	1
18	Ojo de agua Pargos	28.18	47294	28.78	28.44	ND	ND	7.55	47.1	1
19	La Bocana	29.00	47658	28.78	28.48	0.2	0.01	7.75	44.1	1
20	Ojo de Agua PM	29.02	47310	28.47	27.85	4.6	0.33	7.62	40	1
21	Radio Pirata	29.07	47680	28.75	28.44	0.4	0.02	7.70	42.8	1
11	Bonanza	28.71	47480	28.79	28.49	0.9	0.06	7.68	48.8	2
12	Ojo de agua. casa bonanza	28.93	47121	28.33	27.86	0.5	0.03	7.63	13.2	2
13	Ojo de agua 2	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	2
14	Abanicos	28.61	47312	28.76	28.47	-0.7	-0.05	7.49	59.7	2

15	Tanchacte norte	28.73	47337	28.78	28.48	0.8	0.06	7.48	59.5	2
16	Tanchacte sur	29.11	47652	28.73	28.42	133.2	8.46	7.40	32.7	2
17	Caracoles	28.40	47310	28.70	28.36	1	0.08	7.56	52.2	2
5	Cañones	28.58	47310	28.48	28.49	113	7.05	7.12	96.5	2
6	Manchones	28.6	46985	28.40	28.28	1.2	0.04	7.63	57.9	2
7	Limones	28.44	47260	28.80	28.51	1.1	0.07	7.83	45.2	3
8	Limones	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	3
9	Limones	28.75	46990	28.48	28.15	0.4	0.02	7.48	42.3	3
10	Limones	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	3
1	Frontal Puerto Morelos	28.68	47280	28.75	28.45	97.7	6.40	7.49	77.3	1

Tabla 23. Parámetros Fisicoquímicos Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos

Arrecife Akumal

Punto	Lugar	Temp (°C)	Cond. (µs/cm)	TDS (g/L)	Salin.	% OD	OD (mg/L)	pH	ORP	Zona
1	Bahía Akumal	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	1
2	Bahía Ojo de agua	29.00	47285	28.78	28.55	-0.5	0.03	7.51	65.8	1
3	Bahía 4	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	1
4	Bahía 3	29.02	47510	28.78	28.14	0.9	0.06	7.62	48.9	1
5	Bahía 2	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	1
6	Bahía Akumal	29.11	46705	28.70	28.47	109.2	7.15	7.75	42.8	1
7	Bahía Media Luna	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	ND	2
8	Bahía Media Luna	28.73	47469	28.49	28.35	1.1	0.06	7.42	59.7	2
9	Akumal Profundo	28.44	46995	28.82	28.49	92.5	6.16	7.56	45.9	3
10	Media Luna Profundo	28.58	46870	28.82	28.15	4.5	0.3	7.25	42.2	3
11	Yalku Somero	28.62	47560	28.82	28.55	-0.7	-0.04	7.48	62.1	3
12	Media Luna Somero	29.00	47652	28.75	28.57	2.5	0.12	7.44	62.4	3
13	Akumal Somero	28.63	47310	28.68	28.33	0.4	0.02	7.81	57.4	3
14	Cueva del Tiburón	28.93	47250	28.83	27.93	118.2	7.86	7.56	53.8	3

Tabla 24. Parámetros Fisicoquímicos Arrecife Akumal

B. Composición de la comunidad bacteriana

Filo

Filo	Bahía de Akumal (%)	Bahía de Media Luna (%)	Isla Contoy (%)	Puerto Morelos (%)	Sisal (%)
Proteobacteria	44.978	44.420	40.825	54.849	62.282
Actinobacteria	37.850	31.379	23.305	32.946	7.762
Bacteroidetes	6.029	3.084	12.795	1.738	18.152
Firmicutes	3.096	6.660	6.060	4.091	3.472
Planctomycetes	2.445	3.949	7.257	1.232	0.867
Cyanobacteria	0.206	0.323	0.568	0.866	4.805
Candidatus Saccharibacteria	2.110	1.484	0.184	1.166	0.100
Chloroflexi	0.516	1.567	0.307	0.328	0.064
Acidobacteria	0.559	0.870	0.430	0.672	0.085

Spirochaetes	0.206	0.273	1.411	0.094	0.111
Candidatus Shapirobacteria	0.046	0.106	-	0.015	1.537
Candidate division WWE3	0.303	0.519	0.261	0.434	0.024
Candidatus Peregrinibacteria	0.224	0.753	0.031	0.381	0.074
Marinimicrobia	0.036	0.257	1.089	0.023	0.035
Verrucomicrobia	0.185	0.245	0.736	0.055	0.072
Nitrospirae	0.061	0.524	0.476	0.071	0.013
Candidatus Parcubacteria	0.132	0.379	0.338	0.031	0.082
Candidatus Falkowbacteria	0.064	0.742	-	0.008	0.003
Candidatus Aminicenantes	0.103	0.524	-	0.162	0.011
Candidatus Woesebacteria	0.061	0.117	0.460	0.034	0.009
Candidatus Uhrbacteria	0.082	0.206	0.338	0.039	0.013
Gemmatimonadetes	0.004	-	0.660	0.006	-
Candidatus Poribacteria	0.214	0.151	0.031	0.258	0.016
Aquificae	0.004	-	0.460	0.003	-
Euryarchaeota	-	-	0.414	-	-
Candidatus Moranbacteria	0.036	0.307	0.031	0.035	0.002
Lentisphaerae	0.004	-	0.399	-	-
Candidatus Magasanikbacteria	0.028	0.128	0.169	0.020	0.020
Deinococcus-Thermus	0.025	-	0.092	0.217	0.004
Candidate division CPR3	0.039	0.022	0.245	0.010	0.002
Candidatus Atribacteria	0.025	0.061	-	0.029	0.086
Candidatus Microgenomates	0.018	0.017	0.031	0.020	0.079
Latescibacteria	0.028	0.050	0.046	0.024	0.014
Candidatus Azambacteria	0.007	0.134	0.015	0.005	-
Candidatus Daviesbacteria	0.014	0.022	0.107	0.009	-
Candidatus Wolfbacteria	-	0.106	0.031	0.009	0.002
Omnitrophica	0.025	0.095	-	0.014	0.008
Candidate division Zixibacteria	0.039	0.050	0.015	0.010	0.007
Candidatus Aerophobetes	0.007	0.011	-	0.005	0.096
Chlamydiae	0.014	0.073	-	0.014	0.016
Candidatus Berkelbacteria	0.018	0.061	-	0.014	0.013
Candidatus Levybacteria	0.025	0.028	0.046	0.005	0.002
Candidatus Amesbacteria	0.011	0.006	0.061	0.006	0.002
Candidate division CPR2	0.004	0.006	0.061	0.003	0.009
Candidatus Gottesmanbacteria	0.014	0.056	-	0.004	0.002
Candidatus Kaiserbacteria	-	0.067	-	0.001	-
Candidatus Jorgensenbacteria	0.025	0.033	-	0.001	-
Synergistetes	0.007	-	0.046	-	0.001
Fusobacteria	0.011	0.017	0.015	-	0.003
Candidatus Hydrogenedentes	0.004	0.006	0.031	0.003	0.003
Candidatus Adlerbacteria	0.007	0.022	-	0.010	0.003
Candidatus Pacebacteria	-	0.017	0.015	0.008	0.002
Armatimonadetes	0.011	0.006	0.015	0.004	0.003
Tenericutes	0.004	0.006	0.015	0.001	0.010
Candidatus Beckwithbacteria	0.007	-	0.015	0.005	0.001
Thermotogae	-	0.006	0.015	0.003	0.003
Candidatus Nomurabacteria	0.014	0.006	-	-	0.001
Candidatus Giovannonibacteria	-	0.017	-	0.003	0.001
Candidatus Curtissbacteria	-	0.017	-	-	-
Fibrobacteres	0.011	-	-	0.001	0.004

Chlorobi	-	-	0.015	-	-
Ignavibacteriae	-	-	0.015	-	-
Nitrospinae	-	-	0.015	-	-
Candidatus Gracilibacteria	0.004	0.006	-	-	0.005
Elusimicrobia	-	-	-	0.005	0.006
Candidatus Yanofskybacteria	-	0.006	-	-	0.001
Cloacimonetes	-	-	-	-	0.006
Candidatus Aenigmarchaeota	-	0.006	-	-	-
Candidatus Collierbacteria	0.004	-	-	-	-
Basidiomycota	-	-	-	0.001	-
Candidatus Azambac	-	-	-	-	0.001

Tabla 25. Composición de la comunidad bacteriana en abundancias relativas al nivel taxonómico de filo, presente en el sedimento superficial asociado a las zonas arrecifales de, Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos y Arrecife Akumal (Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal)

Clase

Clase	Bahía de Akumal (%)	Bahía de Media Luna (%)	Isla Contoy (%)	Puerto Morelos (%)	Sisal (%)
Alphaproteobacteria	37.657	27.443	16.919	52.320	52.231
Actinobacteria	27.386	22.649	22.054	19.011	8.589
Gammaproteobacteria	6.758	11.208	11.899	3.882	8.604
Deltaproteobacteria	5.098	13.895	14.767	3.686	3.718
Flavobacteriia	6.117	2.779	1.337	1.575	19.215
Acidimicrobiia	8.336	6.124	3.198	12.401	0.327
Clostridia	2.120	6.124	4.593	3.121	0.657
Bacilli	1.109	1.768	2.558	1.214	2.840
Planctomycetia	0.107	0.304	8.953	0.103	0.021
Betaproteobacteria	0.493	1.146	3.837	0.446	2.283
Bacteroidia	0.370	0.806	3.023	0.187	0.908
Coriobacteriia	2.592	1.895	0.097	0.506	0.059
Epsilonproteobacteria	0.674	0.912	0.174	0.735	0.235
Spirochaetia	0.238	0.346	1.783	0.106	0.131
Anaerolineae	0.415	1.153	0.233	0.215	0.038
Phycisphaerae	0.136	0.544	0.058	0.088	0.028
Gemmatimonadetes	0.004	-	0.833	0.007	-
Candidatus Peribacteria	0.168	0.424	-	0.018	0.037
Nitrospira	0.025	0.028	0.562	0.006	0.007
Aquificae	0.004	-	0.581	0.003	-
Dehalococcoidia	0.053	0.368	-	0.072	0.025
Lentisphaeria	0.004	-	0.504	-	-
Cytophagia	-	-	0.426	0.020	0.002
Deinococci	0.029	-	0.116	0.245	0.004

Halobacteria	-	-	0.349	-	-
Sphingobacteriia	0.008	-	0.291	0.004	0.004
Thermoleophilia	-	-	0.194	-	-
Methanomicrobia	-	-	0.155	-	-
Thermomicrobia	0.008	0.007	0.078	0.001	-
Zetaproteobacteria	0.049	0.014	-	0.010	0.004
Solibacteres	-	-	0.078	-	-
Synergistia	-	-	0.058	-	-
Fusobacteriia	0.012	0.021	0.019	-	0.003
Tissierellia	0.008	0.014	0.019	0.004	0.001
Opitutae	-	0.007	0.039	-	-
Mollicutes	0.004	0.007	0.019	0.001	0.012
Holophagae	-	-	0.039	-	-
Thermotogae	-	0.007	0.019	0.003	0.003
Verrucomicrobiae	0.004	-	0.019	-	0.002
Acidobacteriia	-	-	0.019	-	0.001
Chlorobia	-	-	0.019	-	-
Ignavibacteria	-	-	0.019	-	-
Negativicutes	-	-	0.019	-	-
Nitrospina	-	-	0.019	-	-
Thermoplasmata	-	-	0.019	-	-
Fibrobacteria	0.012	-	-	0.001	0.004
Erysipelotrichia	-	0.007	-	-	0.001
Chloroflexia	-	-	-	0.004	-
Chlamydiia	-	-	-	-	0.002
Agaricomycetes	-	-	-	0.001	-

Tabla 26. Composición de la comunidad bacteriana en abundancias relativas al nivel taxonómico de Clase, presente en el sedimento superficial asociado a las zonas arrecifales de, Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos y Arrecife Akumal (Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal)

Género

Género	Bahía de Akumal (%)	Bahía de Media Luna (%)	Isla Contoy (%)	Puerto Morelos (%)	Sisal (%)
<i>Ilumatobacter</i>	13,148	7,727	0,378	15,304	0,861
<i>Rhodobacter</i>	14,569	5,052	1,305	11,236	1,867
<i>Synechococcus</i>	0,204	0,233	0,515	1,290	21,386
<i>Cellulomonas</i>	8,159	6,453	5,495	1,774	0,381
<i>Clostridium</i>	2,004	5,540	1,751	3,003	0,752

<i>Demequina</i>	4,959	0,573	3,091	3,381	0,091
<i>Paracoccus</i>	6,226	0,318	0,721	4,091	0,480
<i>Ruegeria</i>	1,043	1,295	0,549	7,930	0,630
<i>Pseudomonas</i>	0,317	0,743	5,598	0,191	0,829
<i>Bdellovibrio</i>	-	-	7,658	-	0,005
<i>Jannaschia</i>	1,176	0,849	0,069	3,511	1,128
<i>Saccharibacter</i>	1,411	3,311	0,034	1,194	0,562
<i>Aeromonas</i>	0,675	2,144	0,652	0,607	2,333
<i>Desulfatitalea</i>	0,266	1,698	0,824	0,181	3,389
<i>Geobacter</i>	0,593	0,807	0,893	0,147	3,634
<i>Phaeobacter</i>	0,051	0,085	0,206	0,420	5,170
<i>Ahrensia</i>	1,472	0,892	0,240	2,812	0,163
<i>Azospirillum</i>	0,102	0,297	4,670	0,232	0,077
<i>Hyphomicrobium</i>	0,562	1,231	0,069	2,709	0,154
<i>Thalassobacter</i>	3,129	0,064	0,412	0,945	0,109
<i>Desulfosarcina</i>	0,491	2,208	0,240	0,314	1,273
<i>Caedibacter</i>	1,963	1,380	0,103	0,870	0,204
<i>Fodinicurvata</i>	1,125	1,189	0,069	1,849	0,127
<i>Lutibacter</i>	0,368	0,085	0,069	0,433	3,022
<i>Mangrovimonas</i>	1,206	1,019	-	0,601	1,133
<i>Flavobacterium</i>	0,174	0,085	-	0,116	3,484
<i>Devosia</i>	0,562	1,040	0,069	1,952	0,172
<i>Knoellia</i>	-	-	3,777	0,010	-
<i>Desulfovibrio</i>	0,327	1,295	1,339	0,420	0,267
<i>Acinetobacter</i>	0,481	2,462	0,172	0,160	0,245
<i>Leisingera</i>	0,174	1,231	0,996	0,897	0,217
<i>Pseudoalteromonas</i>	0,020	0,042	0,034	0,003	3,321
<i>Pseudovibrio</i>	0,296	0,785	-	1,832	0,295
<i>Hyphomonas</i>	0,501	1,040	0,069	0,853	0,662
<i>Actinomadura</i>	1,217	1,061	0,172	0,577	0,045
<i>Desulfobulbus</i>	0,481	1,443	0,103	0,829	0,145
<i>Mesorhizobium</i>	0,695	0,807	-	1,372	0,063
<i>Thiothrix</i>	1,370	0,297	-	0,478	0,743
<i>Smithella</i>	0,348	2,165	0,034	0,215	0,113
<i>Azorhizobium</i>	0,133	0,085	-	0,031	2,610
<i>Desulfatibacillum</i>	0,593	1,826	0,103	0,276	0,041
<i>Roseovarius</i>	0,930	0,064	0,275	1,109	0,367
<i>Spirochaeta</i>	0,337	0,679	1,442	0,140	0,041
<i>Thioalkalivibrio</i>	0,286	0,467	1,614	0,075	0,100

<i>Rubellimicrobium</i>	0,644	0,212	-	1,034	0,639
<i>Hoeflea</i>	0,266	0,828	-	1,259	0,136
<i>Tropicibacter</i>	1,135	0,212	0,034	0,215	0,811
<i>Halomonas</i>	0,051	0,021	2,232	0,038	0,054
<i>Mycobacterium</i>	0,235	0,616	1,168	0,314	0,063
<i>Capnocytophaga</i>	0,041	0,042	0,034	0,078	2,179
<i>Sphingomonas</i>	0,225	0,637	1,099	0,293	0,095
<i>Oceanicola</i>	0,511	0,318	0,584	0,601	0,335
<i>Candidatus Pelagibacter</i>	-	-	0,034	0,007	2,238
<i>Coxiella</i>	0,419	1,167	-	0,348	0,304
<i>Aestuariivita</i>	1,074	0,425	0,137	0,536	0,036
<i>Massilia</i>	0,419	0,807	0,343	0,287	0,344
<i>Delftia</i>	0,245	1,422	0,103	0,392	0,036
<i>Treponema</i>	0,225	0,170	1,305	0,082	0,417
<i>Actibacterium</i>	0,245	0,042	-	0,416	1,414
<i>Vibrio</i>	0,143	0,212	0,069	0,065	1,577
<i>Helicobacter</i>	0,184	1,252	0,069	0,447	0,091
<i>Novosphingobium</i>	0,440	0,700	0,206	0,515	0,109
<i>Corynebacterium</i>	0,225	0,191	1,477	0,051	0,023
<i>Streptomyces</i>	0,041	0,064	1,820	0,020	0,018
<i>Rhizobium</i>	0,245	0,191	1,168	0,280	0,063
<i>Nitratireductor</i>	0,153	1,061	-	0,583	0,140
<i>Thiomicrospira</i>	0,296	0,594	0,549	0,078	0,417
<i>Erythrobacter</i>	0,705	0,446	0,172	0,321	0,254
<i>Thioclava</i>	1,370	0,021	0,034	0,341	0,091
<i>Marinobacterium</i>	0,542	0,658	0,275	0,215	0,168
<i>Bacteroides</i>	0,031	0,021	1,305	0,014	0,476
<i>Nocardioides</i>	0,051	-	1,717	0,010	0,005
<i>Psychroflexus</i>	0,010	0,042	0,240	-	1,468
<i>Empedobacter</i>	0,112	0,212	-	0,075	1,300
<i>Staphylococcus</i>	0,235	0,573	0,275	0,208	0,362
<i>Lactobacillus</i>	0,102	0,170	0,206	0,109	1,065
<i>Chelativorans</i>	0,562	0,573	-	0,396	0,109
<i>Maribacter</i>	0,429	0,064	-	0,034	1,051
<i>Burkholderia</i>	0,072	0,212	0,962	0,061	0,254
<i>Thermoanaerobacterium</i>	0,020	0,042	1,442	0,024	0,018
<i>Alteromonas</i>	-	0,021	-	0,020	1,504
<i>Actinomyces</i>	0,164	0,594	0,378	0,369	0,027
<i>Gluconobacter</i>	0,061	0,934	0,343	0,078	0,100

<i>Oceanicaulis</i>	0,133	0,976	-	0,218	0,118
<i>Arthrobacter</i>	0,194	0,340	0,618	0,266	0,014
<i>Rhodovulum</i>	0,194	0,488	-	0,648	0,095
<i>Labrenzia</i>	0,562	0,276	-	0,491	0,077
<i>Bacillus</i>	0,164	0,425	0,481	0,082	0,254
<i>Sulfurimonas</i>	0,491	0,509	0,034	0,194	0,154
<i>Formosa</i>	0,256	0,021	-	0,072	0,974
<i>Luteimonas</i>	0,010	-	1,305	-	-
<i>Ponticoccus</i>	0,225	0,021	0,034	0,276	0,698
<i>Leeuwenhoekiella</i>	0,215	0,021	0,034	0,082	0,897
<i>Alcanivorax</i>	-	0,042	0,275	0,014	0,852
<i>Sulfurovum</i>	0,256	0,127	0,034	0,672	0,063
<i>Leptospirillum</i>	0,061	0,085	0,962	0,014	0,027
<i>Peptoclostridium</i>	0,143	0,509	0,069	0,290	0,109
<i>Methylobacterium</i>		0,061	0,637	0,206	0,116
<i>Cellulophaga</i>	0,685	0,042	-	0,038	0,322
<i>Desulfotignum</i>	0,072	0,276	0,687	0,014	0,027
<i>Arcobacter</i>		0,429	0,318	0,137	0,075
<i>Cellulosilyticum</i>	0,092	0,531	0,172	0,177	0,086
<i>Desulfurobacterium</i>	0,010	-	1,030	0,007	-
<i>Kordia</i>	0,256	0,106	-	0,311	0,353
<i>Thalassobius</i>	0,317	0,149	0,069	0,416	0,072
<i>Beijerinckia</i>		-	-	0,996	0,020
<i>Streptococcus</i>	0,143	0,276	0,309	0,174	0,104
<i>Phyllobacterium</i>		0,112	0,552	0,034	0,246
<i>Rhodopseudomonas</i>	0,031	0,658	0,034	0,208	0,027
<i>Leucobacter</i>	0,010	0,042	0,755	0,078	0,032
<i>Thalassospira</i>	0,072	0,403	-	0,304	0,136
<i>Lentisphaera</i>	0,010	-	0,893	-	-
<i>Elizabethkingia</i>	0,143	0,085	0,103	0,017	0,512
<i>Sulfitobacter</i>	0,399	-	0,069	0,338	0,041
<i>Roseobacter</i>	0,051	-	0,412	0,020	0,358
<i>Microbispora</i>	0,010	-	0,824	0,003	-
<i>Geoalkalibacter</i>	0,133	0,233	0,343	0,102	0,014
<i>Paenibacillus</i>	0,031	0,021	0,275	0,048	0,435
<i>Chryseobacterium</i>	0,072	0,255	0,275	0,024	0,181
<i>Bordetella</i>	-	0,021	0,755	0,014	0,014
<i>Legionella</i>	0,112	0,127	0,446	0,038	0,045
<i>Filomicrobium</i>	0,266	0,191	-	0,239	0,054

<i>Bradyrhizobium</i>	-	0,042	0,652	0,024	0,005
<i>Loktanella</i>	0,092	-	0,618	0,007	-
<i>Pelotomaculum</i>	0,123	0,403	0,034	0,133	0,018
<i>Lysinimicrobium</i>	0,450	-	0,240	0,003	0,009
<i>Shimia</i>	0,031	0,064	-	0,488	0,113
<i>Propionibacterium</i>	0,164	0,318	0,034	0,147	0,023
<i>Nocardia</i>	0,010	0,042	0,584	0,038	0,005
<i>Weeksella</i>	0,020	-	-	0,003	0,652
<i>Spiribacter</i>	0,061	0,064	0,206	0,270	0,072
<i>Draconibacterium</i>	0,072	0,042	0,515	0,014	0,027
<i>Desulfonauticus</i>	0,061	0,573	-	0,031	0,005
<i>Acetobacter</i>	0,010	0,255	-	0,372	0,005
<i>Halocynthiibacter</i>	0,184	0,021	-	0,191	0,245
<i>Rhodopirellula</i>	0,031	0,340	0,172	0,089	0,005
<i>Gemmatimonas</i>	0,010	-	0,618	0,007	-
<i>Desulfotomaculum</i>	0,082	0,382	0,034	0,109	0,018
<i>Ehrlichia</i>	0,041	0,340	-	0,034	0,208
<i>Rheinheimera</i>	0,133	0,382	-	0,061	0,041
<i>Candidatus Thioglobus</i>	-	-	-	-	0,603
<i>Gordonia</i>	-	-	0,584	-	-
<i>Acidiphilium</i>	0,041	0,042	0,446	0,024	0,018
<i>Methylocapsa</i>	0,031	0,467	0,034	0,024	0,014
<i>Ensifer</i>	-	-	0,549	0,003	-
<i>Campylobacter</i>	0,092	0,297	-	0,038	0,122
<i>Gillisia</i>	0,041	-	-	0,003	0,494
<i>Spongiiibacter</i>	0,010	0,085	-	0,102	0,340
<i>Neisseria</i>	-	-	0,172	0,014	0,349
<i>Myroides</i>	0,102	0,085	-	0,010	0,331
<i>Methyloceanibacter</i>	0,010	-	0,515	-	-
<i>Neorickettsia</i>	0,082	0,170	-	0,055	0,213
<i>Nonlabens</i>	0,010	0,021	-	0,007	0,471
<i>Bosea</i>	-	-	0,481	0,007	0,018
<i>Cupriavidus</i>	-	0,042	0,446	-	0,009
<i>Atopobium</i>	0,072	0,255	-	0,136	0,032
<i>Aureimonas</i>	0,092	0,042	0,275	0,072	0,009
<i>Candidatus Liberibacter</i>	0,020	0,276	-	0,123	0,063
<i>Sedimenticola</i>	0,153	0,233	-	0,068	0,023
<i>Enterococcus</i>	0,051	0,106	0,137	0,044	0,127
<i>Psychrobacter</i>	0,072	0,382	-	0,003	0,005

<i>Microbacterium</i>	0,051	0,085	0,172	0,085	0,068
<i>Ruminiclostridium</i>	0,051	0,191	-	0,160	0,050
<i>Ochrobactrum</i>	0,092	0,170	-	0,154	0,036
<i>Achromobacter</i>	-	-	0,446	0,003	-
<i>Holospira</i>	0,153	0,170	-	0,096	0,027
<i>Ralstonia</i>	0,102	0,233	0,069	0,041	-
<i>Nitrosococcus</i>	0,051	0,361	-	0,020	0,009
<i>Candidatus Omnitrphus</i>	0,051	0,318	-	0,024	0,032
<i>Rhodomicrobium</i>	0,174	0,127	-	0,065	0,059
<i>Colwellia</i>	0,041	0,170	0,103	0,072	0,036
<i>Pseudoruegeria</i>	-	-	0,412	-	-
<i>Rothia</i>	0,010	0,276	-	0,082	0,041
<i>Arenimonas</i>	0,051	0,106	-	0,225	0,018
<i>Thiocapsa</i>	0,051	0,106	0,206	0,014	0,014
<i>Ruminococcus</i>	0,133	0,042	0,034	0,157	0,018
<i>Rathayibacter</i>	-	-	-	0,113	0,267
<i>Caulobacter</i>	-	-	0,378	-	-
<i>Riemerella</i>	0,072	0,042	-	0,003	0,249
<i>Sphingobium</i>	0,041	0,170	0,034	0,068	0,041
<i>Fulvivirga</i>	-	-	0,343	0,007	-
<i>Brucella</i>	0,102	0,021	-	0,130	0,095
<i>Ottowia</i>	-	-	0,343	-	-
<i>Citricella</i>	0,082	-	0,206	0,014	0,036
<i>Tamlana</i>	0,307	-	-	0,007	0,018
<i>Octadecabacter</i>	0,174	-	-	0,116	0,036
<i>Microvirga</i>	0,020	0,149	0,069	0,072	0,014
<i>Thiomonas</i>	0,010	-	-	0,003	0,304
<i>Shinella</i>	0,082	0,127	-	0,102	0,005
<i>Leifsonia</i>	-	-	0,309	-	0,005
<i>Stenotrophomonas</i>	0,010	0,106	0,172	0,024	-
<i>Luteibacter</i>	-	-	0,309	-	-
<i>Photobacterium</i>	0,020	0,191	-	0,020	0,077
<i>Pleurocapsa</i>	0,061	0,064	-	0,102	0,072
<i>Idiomarina</i>	0,072	0,127	-	0,041	0,054
<i>Anaeromyxobacter</i>	-	-	0,275	-	0,005
<i>Actinopolymorpha</i>	-	-	0,275	-	-
<i>Kocuria</i>	-	-	0,275	-	-
<i>Methanoculleus</i>	-	-	0,275	-	-
<i>Frankia</i>	-	-	0,275	-	-

<i>Pirellula</i>	-	-	0,275	-	-
<i>Gilvmarinus</i>	0,031	0,127	-	0,010	0,104
<i>Marinobacter</i>	0,092	0,042	0,034	0,027	0,072
<i>Prevotella</i>	0,041	0,042	0,103	0,003	0,077
<i>Muricauda</i>	0,102	0,085	-	0,051	0,023
<i>Arcanobacterium</i>	0,164	-	-	0,051	0,045
<i>Cohnella</i>	0,061	0,191	-	0,003	-
<i>Lacinutrix</i>	0,041	0,042	-	0,003	0,168
<i>Myxococcus</i>	0,020	0,127	0,103	0,003	-
<i>Altererythrobacter</i>	0,041	0,064	0,034	0,099	0,009
<i>Granulibacter</i>	-	-	0,240	-	-
<i>Kibdelosporangium</i>	-	-	0,240	-	-
<i>Algoriphagus</i>	-	-	0,240	-	-
<i>Variovorax</i>	-	-	0,240	-	-
<i>Psychroserpens</i>	0,010	-	-	0,010	0,217
<i>Chondromyces</i>	0,010	0,064	0,137	0,017	0,005
<i>Magnetospirillum</i>	0,031	0,106	-	0,068	0,027
<i>Lewinella</i>	0,010	-	0,206	-	-
<i>Lamprocystis</i>	-	-	0,206	-	-
<i>Amycolatopsis</i>	-	-	0,206	-	-
<i>Solimonas</i>	0,010	0,042	0,137	-	0,014
<i>Celeribacter</i>	0,061	-	-	0,075	0,063
<i>Calothrix</i>	0,010	0,021	0,069	0,003	0,091
<i>Phaeospirillum</i>	0,051	0,064	-	0,020	0,041
<i>Thalassomonas</i>	0,072	0,021	-	-	0,082
<i>Spirillospora</i>	-	-	0,172	-	-
<i>Desulfatirhabdium</i>	-	-	0,172	-	-
<i>Cyanothece</i>	0,010	0,021	-	0,068	0,068
<i>Desulfobacula</i>	0,051	0,064	-	0,034	0,018
<i>Intestinimonas</i>	0,020	0,085	-	0,051	0,009
<i>Agrococcus</i>	0,051	0,021	-	0,089	0,005
<i>Scytonema</i>	0,020	-	0,137	-	0,005
<i>Thiorhodococcus</i>	0,092	0,021	-	0,017	0,032
<i>Oceanimonas</i>	0,031	0,042	-	0,007	0,082
<i>Hirschia</i>	0,041	0,085	-	0,010	0,023
<i>Thermoactinomyces</i>	-	0,042	0,069	0,027	0,018
<i>Pseudorhodobacter</i>	0,072	-	-	0,061	0,023
<i>Thermoanaerobacter</i>	0,010	0,106	-	0,020	0,014
<i>Marinomonas</i>	0,031	-	-	0,010	0,109

<i>Dokdonia</i>	-	0,042	0,034	-	0,072
<i>Actinoplanes</i>	-	-	0,137	0,010	-
<i>Rhodospirillum</i>	0,020	0,085	-	0,024	0,018
<i>Pannonibacter</i>	0,031	0,021	0,069	0,017	0,005
<i>Haliangium</i>	-	-	0,137	-	0,005
<i>Endozoicomonas</i>	-	0,021	-	-	0,118
<i>Hydrogenophaga</i>	0,031	0,021	0,069	0,014	0,005
<i>Kangiella</i>	0,010	0,085	-	0,007	0,036
<i>Bryobacter</i>	-	-	0,137	-	-
<i>Desulfomicrobium</i>	-	-	0,137	-	-
<i>Euryhalocaulis</i>	-	-	0,137	-	-
<i>Streptacidiphilus</i>	-	-	0,137	-	-
<i>Aerococcus</i>	-	0,085	0,034	0,003	0,014
<i>Nocardiopsis</i>	0,031	-	0,103	-	-
<i>Cycloclasticus</i>	0,112	-	-	0,014	0,005
<i>Eubacterium</i>	0,020	0,106	-	0,003	-
<i>Pararhodospirillum</i>	-	-	0,103	0,003	0,023
<i>Geitlerinema</i>	0,010	0,021	-	0,051	0,045
<i>Acaryochloris</i>	-	0,021	0,069	0,031	0,005
<i>Aquimarina</i>	0,010	-	-	-	0,113
<i>Deinococcus</i>	-	-	0,103	0,017	-
<i>Olsenella</i>	0,020	0,021	0,069	-	0,009
<i>Odoribacter</i>	0,061	-	-	0,031	0,027
<i>Sphingopyxis</i>	0,031	0,064	-	0,024	-
<i>Bilophila</i>	0,020	0,021	-	0,020	0,054
<i>Janthinobacterium</i>	0,020	0,021	0,034	0,007	0,032
<i>Algibacter</i>	0,010	-	-	-	0,104
<i>Vitreoscilla</i>	-	-	0,103	-	0,009
<i>Rhodococcus</i>	-	0,021	0,069	0,017	0,005
<i>Gramella</i>	0,031	-	-	0,003	0,077
<i>Persicobacter</i>	-	-	0,069	0,041	-
<i>Saprospira</i>	-	-	0,103	-	0,005
<i>Methylophaga</i>	0,031	0,042	-	0,007	0,027
<i>Lachnoclostridium</i>	0,020	0,021	0,034	0,031	-
<i>Acidocella</i>	0,020	-	0,034	0,038	0,014
<i>Belnapia</i>	-	0,021	0,069	0,007	0,009
<i>Moorella</i>	-	-	0,103	-	-
<i>Vulgatibacter</i>	-	-	0,103	-	-
<i>Taylorella</i>	-	-	0,103	-	-

<i>Tetrasphaera</i>	-	-	0,103	-	-
<i>Serratia</i>	-	-	0,103	-	-
<i>Candidatus Accumulibacter</i>	-	-	0,103	-	-
<i>Phycisphaera</i>	0,051	0,021	-	0,020	0,009
<i>Chelatococcus</i>	-	0,064	-	0,038	-
<i>Dehalogenimonas</i>	0,010	0,064	-	0,003	0,023
<i>Tenacibaculum</i>	0,010	-	-	-	0,086
<i>Carnobacterium</i>	-	0,021	-	0,007	0,068
<i>Promicromonospora</i>	0,020	0,064	-	0,010	-
<i>Sanguibacteroides</i>	0,010	0,042	-	0,017	0,023
<i>Ectothiorhodospira</i>	0,020	0,064	-	0,007	-
<i>Cryobacterium</i>	-	0,021	0,069	-	-
<i>Coralimargarita</i>	-	0,021	0,069	-	-
<i>Halanaerobium</i>	0,010	0,064	-	0,010	0,005
<i>Oenococcus</i>	0,010	0,064	-	-	0,009
<i>Roseivivax</i>	0,051	-	-	0,027	0,005
<i>Gloeocapsa</i>	-	0,021	0,034	0,017	0,009
<i>Candidatus Phytoplasma</i>	0,010	0,021	-	-	0,050
<i>Collinsella</i>	0,020	0,021	-	0,034	0,005
<i>Salinivibrio</i>	0,020	0,042	-	0,003	0,014
<i>Syntrophothermus</i>	-	0,064	-	-	0,014
<i>Pediococcus</i>	-	0,042	0,034	-	-
<i>Bifidobacterium</i>	-	-	0,069	0,003	0,005
<i>Ilyobacter</i>	0,020	0,042	-	-	0,014
<i>Arenibacter</i>	0,031	-	-	-	0,045
<i>Anaerolinea</i>	0,010	0,021	-	0,044	-
<i>Oribacterium</i>	0,031	-	-	0,031	0,014
<i>Candidatus Paracaedibacter</i>	-	0,021	-	0,038	0,014
<i>Thiohalorhabdus</i>	-	-	0,069	0,003	-
<i>Thermus</i>	-	-	0,069	0,003	-
<i>Teredinibacter</i>	-	0,064	-	0,003	0,005
<i>Alistipes</i>	-	-	0,034	0,014	0,023
<i>Lentibacillus</i>	-	-	0,034	-	0,036
<i>Roseomonas</i>	0,010	0,042	-	0,017	-
<i>Geminocystis</i>	0,010	-	-	0,014	0,045
<i>Sphaerobacter</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Holophaga</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Acanthamoeba</i>	-	-	0,069	-	-

<i>Asticcacaulis</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Roseibacterium</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Labilithrix</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Janibacter</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Azohydromonas</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Amorphus</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Xanthomonas</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Haliscomenobacter</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Wenixia</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Cellulosimicrobium</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Johnsonella</i>	-	-	0,069	-	-
<i>Brachybacterium</i>	-	0,064	-	-	0,005
<i>Glaciecola</i>	-	-	-	-	0,068
<i>Porphyrobacter</i>	-	0,021	0,034	0,007	0,005
<i>Kaistia</i>	-	0,021	0,034	0,010	-
<i>Robinsoniella</i>	0,010	0,042	-	0,003	0,009
<i>Polaromonas</i>	-	0,021	0,034	-	0,009
<i>Methylopila</i>	0,051	-	-	0,007	0,005
<i>Terrisporobacter</i>	0,010	0,021	-	0,017	0,014
<i>Francisella</i>	-	0,021	-	-	0,041
<i>Sinorhizobium</i>	-	0,042	-	0,010	0,009
<i>Lysobacter</i>	0,010	-	0,034	0,017	-
<i>Brevibacillus</i>	0,010	0,021	-	0,010	0,018
<i>Butyrivibrio</i>	0,010	0,042	-	-	0,005
<i>Candidatus Photodesmus</i>	-	0,021	-	0,003	0,032
<i>Nitrincola</i>	-	-	-	0,010	0,045
<i>Nostoc</i>	0,010	0,021	-	0,024	-
<i>Mobiluncus</i>	-	-	-	0,055	-
<i>Haematobacter</i>	0,051	-	-	0,003	-
<i>Jeotgalibaca</i>	0,051	-	-	0,003	-
<i>Polaribacter</i>	-	-	-	-	0,054
<i>Cyanobium</i>	-	-	0,034	0,003	0,014
<i>Halobacillus</i>	0,051	-	-	-	-
<i>Virgibacillus</i>	0,051	-	-	-	-
<i>Agarivorans</i>	-	-	-	-	0,050
<i>Acetobacterium</i>	-	-	0,034	0,010	0,005
<i>Citromicrobium</i>	0,020	0,021	-	0,007	-
<i>Oscillibacter</i>	-	0,021	-	0,014	0,014

<i>Leptolyngbya</i>	0,010	-	-	0,024	0,014
<i>Beggiatoa</i>	0,020	-	-	0,017	0,009
<i>Anoxybacillus</i>	-	0,042	-	0,003	-
<i>Grimontia</i>	-	0,021	-	-	0,023
<i>Paraglaucicola</i>	-	0,042	-	-	-
<i>Parvularcula</i>	-	0,042	-	-	-
<i>Sulfuricurvum</i>	-	0,042	-	-	-
<i>Alkaliphilus</i>	-	0,042	-	-	-
<i>Commensalibacter</i>	-	0,042	-	-	-
<i>Methylobacter</i>	0,031	-	-	0,007	0,005
<i>Porphyromonas</i>	0,020	-	-	0,003	0,018
<i>Methylomonas</i>	0,020	0,021	-	-	-
<i>Pseudoxanthomonas</i>	0,010	-	-	0,031	-
<i>Xanthobacter</i>	0,020	-	-	0,020	-
<i>Thermodesulfobium</i>	-	-	0,034	-	0,005
<i>Aliivibrio</i>	-	-	0,034	-	0,005
<i>Shewanella</i>	-	-	0,034	-	0,005
<i>Agromyces</i>	-	-	0,034	-	0,005
<i>Faecalibacterium</i>	-	-	0,034	-	0,005
<i>Alicyclobacillus</i>	0,020	-	-	-	0,018
<i>Sandarakinorhabdus</i>	0,010	0,021	-	0,007	-
<i>Micromonospora</i>	-	-	0,034	0,003	-
<i>Mycoplasma</i>	-	-	0,034	0,003	-
<i>Proteiniphilum</i>	-	-	0,034	0,003	-
<i>Lautropia</i>	-	-	0,034	0,003	-
<i>Achromatium</i>	-	0,021	-	0,007	0,009
<i>Trueperella</i>	0,010	0,021	-	0,003	-
<i>Aliiroseovarius</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Microbulbifer</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Pelodictyon</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Rudaea</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Syntrophobacter</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Bhargavaea</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Indibacter</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Pantoea</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Psychromonas</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Ignavibacterium</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Kosmotoga</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Lebetimonas</i>	-	-	0,034	-	-

<i>Geminicoccus</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Salisaeta</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Halopiger</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Sandaracinus</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Thermomicrobium</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Gardnerella</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Oceanithermus</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Enterobacter</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Desulfatiglans</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Sediminimonas</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Zymbacter</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Selenomonas</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Candidatus Magnetobacterium</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Pandoraea</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Dyella</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Coleofasciculus</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Haloferula</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Pseudonocardia</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Desulfococcus</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Nitrospina</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Halotalea</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Thiolapillus</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Frigoribacterium</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Brevundimonas</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Thermorudis</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Agrobacterium</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Acidiplasma</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Peptoniphilus</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Pontibacter</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Lactococcus</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Dechloromonas</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Frateuria</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Tumebacillus</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Dinoroseobacter</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Aeromicrobium</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Methylophilus</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Enhygromyxa</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Blastococcus</i>	-	-	0,034	-	-

<i>Candidatus Microthrix</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Sagittula</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Maritimibacter</i>	-	-	0,034	-	-
<i>Kribbella</i>	0,031	-	-	0,003	-
<i>Planktothrix</i>	-	-	-	0,007	0,027
<i>Propionimicrobium</i>	-	0,021	-	0,003	0,009
<i>Winogradskyella</i>	0,010	-	-	-	0,023
<i>Gottschalkia</i>	-	0,021	-	0,007	0,005
<i>Desulfosporosinus</i>	-	0,021	-	0,010	-
<i>Schlesneria</i>	0,010	0,021	-	-	-
<i>Aminobacter</i>	-	-	-	0,031	-
<i>Salinicoccus</i>	-	0,021	-	0,007	-
<i>Neptunomonas</i>	-	0,021	-	0,007	-
<i>Leuconostoc</i>	0,010	-	-	0,003	0,014
<i>Fructobacillus</i>	-	0,021	-	-	0,005
<i>Erysipelothrix</i>	-	0,021	-	-	0,005
<i>Actinotignum</i>	0,020	-	-	0,003	-
<i>Synechocystis</i>	0,020	-	-	0,003	-
<i>Borrelia</i>	0,010	-	-	-	0,014
<i>Aequorivita</i>	-	-	-	-	0,023
<i>Anaplasma</i>	-	-	-	0,003	0,018
<i>Desulfurispora</i>	-	0,021	-	-	-
<i>Yersinia</i>	-	0,021	-	-	-
<i>Syntrophorhabdus</i>	-	0,021	-	-	-
<i>Alishewanella</i>	-	0,021	-	-	-
<i>Acetivibrio</i>	-	0,021	-	-	-
<i>Arhodomonas</i>	-	0,021	-	-	-
<i>Alloprevotella</i>	-	0,021	-	-	-
<i>Leptolinea</i>	0,020	-	-	-	-
<i>Dysgonomonas</i>	-	-	-	0,007	0,014
<i>Thermosynechococcus</i>	-	-	-	0,007	0,014
<i>Weissella</i>	-	-	-	0,010	0,009
<i>Salegentibacter</i>	0,010	-	-	-	0,009
<i>Martelella</i>	-	-	-	0,014	0,005
<i>Syntrophomonas</i>	0,010	-	-	0,003	0,005
<i>Sulfurospirillum</i>	0,010	-	-	0,003	0,005
<i>Thermobifida</i>	-	-	-	0,017	-
<i>Candidatus Tremblaya</i>	-	-	-	0,010	0,005
<i>Pleomorphomonas</i>	-	-	-	0,010	0,005

<i>Arsukibacterium</i>	0,010	-	-	-	0,005
<i>Lyngbya</i>	0,010	-	-	0,003	-
<i>Enterovibrio</i>	-	-	-	-	0,014
<i>Limnohabitans</i>	-	-	-	-	0,014
<i>Halothiobacillus</i>	-	-	-	-	0,014
<i>Cobetia</i>	-	-	-	-	0,014
<i>Sphaerochaeta</i>	-	-	-	0,003	0,009
<i>Oscillatoria</i>	-	-	-	0,003	0,009
<i>Parabacteroides</i>	-	-	-	0,003	0,009
<i>Streptosporangium</i>	-	-	-	0,003	0,009
<i>Tetragenococcus</i>	-	-	-	0,010	-
<i>Aurantimonas</i>	-	-	-	0,010	-
<i>Terrimonas</i>	-	-	-	0,010	-
<i>Geobacillus</i>	0,010	-	-	-	-
<i>Eudoraea</i>	0,010	-	-	-	-
<i>Candidatus Paceibacter</i>	0,010	-	-	-	-
<i>Rubritalea</i>	0,010	-	-	-	-
<i>Fusobacterium</i>	0,010	-	-	-	-
<i>Thioflavococcus</i>	0,010	-	-	-	-
<i>Gracilimonas</i>	0,010	-	-	-	-
<i>Candidatus Microgenomatus</i>	0,010	-	-	-	-
<i>Meiothermus</i>	0,010	-	-	-	-
<i>Brevibacterium</i>	0,010	-	-	-	-
<i>Balneola</i>	-	-	-	-	0,009
<i>Simkania</i>	-	-	-	-	0,009
<i>Cellvibrio</i>	-	-	-	-	0,009
<i>Pseudanabaena</i>	-	-	-	-	0,009
<i>Borrelia</i>	-	-	-	-	0,009
<i>Akkermansia</i>	-	-	-	-	0,009
<i>Anabaena</i>	-	-	-	-	0,009
<i>Candidatus Arthromitus</i>	-	-	-	-	0,009
<i>Pelomonas</i>	-	-	-	0,003	0,005
<i>Acidovorax</i>	-	-	-	0,007	-
<i>Methylibium</i>	-	-	-	0,007	-
<i>Thioalkalimicrobium</i>	-	-	-	0,007	-
<i>Nesterenkonia</i>	-	-	-	0,007	-
<i>Saccharicrinis</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Mesoflavibacter</i>	-	-	-	-	0,005

<i>Phenyllobacterium</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Blautia</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Myxosarcina</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Hymenobacter</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Pseudogulbenkiania</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Truepera</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Oceanobacillus</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Tannerella</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Sphingobacterium</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Fervidobacterium</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Zobellia</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Lechevalieria</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Thiorhodovibrio</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Polynucleobacter</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Terasakiella</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Chromohalobacter</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Microcoleus</i>	-	-	-	-	0,005
<i>Advenella</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Kinetoplastibacterium</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Micrococcus</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Kordiimonas</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Inquilinus</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Nisaea</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Plesiocystis</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Stereum</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Anaerococcus</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Arsenicococcus</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Blastochloris</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Desulfitobacterium</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Nonomuraea</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Sodalis</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Comamonas</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Algiphilus</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Sporolactobacillus</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Kineosporia</i>	-	-	-	0,003	-
<i>Microcystis</i>	-	-	-	0,003	-

Tabla 27. Composición de la comunidad bacteriana en abundancias relativas al nivel taxonómico de Género, presente en el sedimento superficial asociado a las zonas arrecifales de, Sisal, Parque Nacional Isla Contoy, Parque Nacional Arrecife Puerto Morelos y Arrecife Akumal (Bahía de Media Luna y Bahía de Akumal)

C. Criterios de aviso y falla para cada uno de los parámetros evaluados en el control de calidad de las secuencias

Calidad de las secuencias por bases

Aviso: Cuando el cuartil inferior para cualquier base en la escala de Phred es menor a 10, o si la mediana para cualquier base es inferior a 25.

Fallo: cuando el cuartil inferior para cualquier base en la escala de Phred es menor que 5, o si la mediana para cualquier base es inferior a 20.

Valores de calidad por secuencia

Aviso: Calidad media observada con mayor frecuencia en la escala de Phred por debajo de 27, esto equivale a una tasa de error de 0.2%.

Fallo: Calidad media observada con mayor frecuencia en la escala de Phred por debajo de 20, esto equivale a una tasa de error de 1%.

Contenido de CG por secuencia

Aviso: La suma de las desviaciones de la distribución normal representa más del 15% de las lecturas.

Fallo: La suma de las desviaciones de la distribución normal representa más del 30% de las lecturas.

Contenido de N por bases

Aviso: Contenido de N en cualquier posición > 5%.

Fallo: Contenido de N en cualquier posición > 20%.