



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
PROGRAMA DE MAESTRIA EN CIENCIAS DEL MAR Y LIMNOLOGÍA

**ESTUDIO DE LA MICROBIOTA AMBIENTAL DE LA ZONA COSTERA,
IDENTIFICACIÓN DE AGENTES ETIOLÓGICOS
USANDO TECNOLOGÍA DE ADN**

TESIS

**QUE PARA OPTAR POR EL GRADO ACADÉMICO DE
MAESTRA EN CIENCIAS**

PRESENTA

MARIA FERNANDA VARGAS ARDILA

TUTOR PRINCIPAL

DRA. MARÍA LETICIA ARENA ORTÍZ

UNAM – FACULTAD DE CIENCIAS

COMITÉ TUTOR

DRA. MARÍA DEL CARMEN PONCE CABALLERO

UADY – FACULTAD DE INGENIERÍA

DRA. LUISA ISAURA FALCÓN ÁLVAREZ

UNAM – INSTITUTO DE ECOLOGÍA

DR. RAFAEL ANTONIO ROJAS HERRERA

UADY – FACULTAD DE INGENIERÍA

DR. FRANCISCO XAVIER CHIAPPA CARRARA

UNAM – FACULTAD DE CIENCIAS

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.



**ESTUDIO DE LA MICROBIOTA AMBIENTAL DE LA ZONA COSTERA,
IDENTIFICACIÓN DE AGENTES ETIOLÓGICOS
USANDO TECNOLOGÍA DE ADN**

TESIS

QUE PARA OBTENER EL GRADO ACADÉMICO DE
MAESTRA EN CIENCIAS

PRESENTA

MARIA FERNANDA VARGAS ARDILA

TUTOR PRINCIPAL

DRA. MARÍA LETICIA ARENA ORTÍZ

UNAM – FACULTAD DE CIENCIAS

COMITÉ TUTOR

DRA. MARÍA DEL CARMEN PONCE CABALLERO

UADY – FACULTAD DE INGENIERÍA

DRA. LUISA ISAURA FALCÓN ÁLVAREZ

UNAM – INSTITUTO DE ECOLOGÍA

DR. RAFAEL ANTONIO ROJAS HERRERA

UADY – FACULTAD DE INGENIERÍA

DR. FRANCISCO XAVIER CHIAPPA CARRARA

UNAM – FACULTAD DE CIENCIAS

SISAL - YUCATÁN, SEPTIEMBRE 2017

Dedicatoria

Cuando intento agradecer tanto cariño y las acciones lindas de la vida en el ayer y el hoy, las palabras se hacen escasas y quedan cortas... Espero logre traducir esto, en lo feliz que he sido en el camino...

Este trabajo está dedicado a todos los ángeles que han pasado por nuestro camino, que de una u otra forma contribuyeron a que iniciara esta aventura, y que estos dos años estuviesen llenos de magia, sonrisas y lindos momentos.

Para iniciar, mencionare a la persona más especial de mi mundo, por esforzarse día a día en todos los roles que se requerían lejos de la familia; por ser cómplice, compañero, amigo, consejero, fuerza vital y mi complemento. Por estar simplemente en cada momento, gracias mi príncipe lindo, te adoro!

A mi amada Family, mi núcleo, mi todo, mi desorden social! Con los que volvimos todos esos kilómetros de distancia en medio, en una pequeña porción de tierra, con nuestras interminables charlas diurnas y nocturnas, cada uno con su motor chispeante de energía revitalizadora y desbordante de cariño. Gracias por hacerme sentir que siempre estuve en cada reunión, por lograr que la información tuviese más velocidad de Colombia a México, que dentro de Colombia, por eso y más, los requetequero!

Por hacernos parte de sus vidas, tendernos más que la mano y darnos un rinconcito en su corazón, agradezco a los caminantes del mundo, en especial a los mexicanos y colombianos que nos encontramos aquí y en el viejo continente, fueron parte vital en la aventura. Gracias por sus buenas acciones, consejos y enseñanzas, son el reflejo más bello de solidaridad para los que estamos lejos de casa!

A Elektra, por ser nuestra compañera fiel y comprometida, por las travesías que hicimos después del último tope.

Esta aventura solo es la puerta a otra más, pero el lugar en el que la vivimos, siempre estará en una parte muy especial de mi corazón... el tranquilo y mágico Sisal.

A mi Tata y mi Lulu

*Lamento que nos hayamos separado en la planeación de esta aventura,
este hubiese sido un paraíso para ustedes.*

... Aún las sigo esperando!

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 Parque Científico y Tecnológico de Yucatán. Con una beca CONACyT. En el marco del proyecto CONACyT - PN 212745 bajo la dirección de la Dra. María Leticia Arena Ortiz y del Laboratorio Nacional de Resiliencia Costera (LANRESC).

Agradezco por el apoyo técnico desarrollado en el laboratorio a la M. en C. Karla Susana Escalante Herrera y a la Dra. Joanna María Ortiz Alcántara, así como el apoyo en las salidas de campo al M en C. Gerardo Alberto Sosa Hernández. En la Facultad de Ingeniería de la Universidad Autónoma de Yucatán agradezco a los especialistas en Ingeniería Ambiental Olga Josefa Briceño Pérez, Cinthia Carolina Gamboa Loira, Juvencio Roberto Pat Canul y Avel Adolfo González Sánchez por el apoyo en los análisis químicos y microbiológicos de las muestras.

De igual forma, agradezco por la orientación en el manejo informático de los datos a los candidatos a doctorado: Valerie Yselle de Anda, Mariana García y Andrés Sánchez Quinto; a la M. en C. Liliana Margoth Castro Cubillos y al M. en C. Javier Apodaca Hernández.

Por su apoyo permanente en el desarrollo de esta investigación en las diferentes instancias, agradezco al candidato a M. en C. Luis Fernel Guillen Ruiz.

Por último, agradezco a los miembros del comité tutor: Dra. María del Carmen Ponce Caballero, Dra. Luisa Isaura Falcón Álvarez, Dr. Rafael Antonio Rojas Herrera y Dr. Francisco Xavier Chiappa Carrara por su apoyo y aportes para el buen desarrollo de este trabajo.

Tabla de contenido

TABLA DE CONTENIDO	1
ÍNDICE DE TABLAS	3
ÍNDICE DE FIGURAS	4
ÍNDICE DE ANEXOS	7
1 INTRODUCCIÓN	10
2 PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN	11
3 OBJETIVOS	11
3.1 OBJETIVO GENERAL	11
3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	11
4 ANTECEDENTES	12
LUGAR DE ESTUDIO	12
MICROORGANISMOS CON AFECTACIÓN A LA SALUD HUMANA - PATÓGENOS	14
<i>Agentes etiológicos en el agua</i>	19
<i>Agentes etiológicos en sedimento</i>	20
<i>Agentes etiológicos en el aire</i>	21
<i>Agentes etiológicos de interés</i>	23
TÉCNICAS PARA DETECTAR MICROORGANISMOS – AGENTES ETIOLÓGICOS	28
<i>Secuenciación masiva</i>	29
PROCESAMIENTO DE LAS SECUENCIAS	30
5 MATERIALES Y MÉTODOS	32
5.1 EQUIPOS, MATERIALES Y REACTIVOS	32
5.2 ZONA DE MUESTREO	33
5.2.1 <i>Costa marina – Agua y sedimento</i>	33
5.2.2 <i>Ciénaga – Agua y sedimento</i>	33
5.3 MUESTREO Y MUESTRAS	35
5.3.1 <i>Muestras de agua</i>	35

5.3.2	<i>Muestras de sedimento</i>	36
5.4	TRATAMIENTO DE LAS MUESTRAS	36
5.4.1	<i>Extracción de ADN</i>	36
5.4.2	<i>Visualización y cuantificación del ADN metagenómico</i>	37
5.4.2.1.	<i>Gel de agarosa</i>	37
5.4.2.2.	<i>Espectrofotómetro - Nanodrop</i>	37
5.4.2.3.	<i>Fluorómetro</i>	37
5.5	SECUENCIACIÓN MASIVA	37
6.	DATOS Y RESULTADOS	38
6.1	PROCESAMIENTO DEL ADN	38
6.1.1.	<i>Método de extracción de ADN</i>	38
6.1.2.	<i>Selección del tamaño del poro de las membranas para filtrar</i>	38
6.1.3.	<i>Cuantificación de ADN</i>	39
6.2	SECUENCIACIÓN MASIVA	41
6.2.1.	<i>Descripción de las muestras</i>	44
6.2.2.	<i>Géneros con potencial patógeno</i>	51
6.2.3.	<i>Agentes etiológicos de interés</i>	57
6.2.3.1.	<i>Agentes etiológicos en cada punto de muestreo</i>	62
6.2.3.2.	<i>Agentes etiológicos en cada ambiente</i>	68
7.	DISCUSIÓN DE RESULTADOS	73
8.	CONCLUSIONES	109
9.	REFERENCIAS	111
10.	ANEXOS	153

Índice de tablas

Tabla 1 Listado de agentes etiológicos y patologías reportados por INSP de México (INNSZ, 2013)	17
Tabla 2 Agentes etiológicos transmitidos por el agua (OMS, s.f.c)	20
Tabla 3 Agentes etiológicos transmitidos por el sedimento.....	21
Tabla 4 Agentes etiológicos transmitidos por el aire (Observatorio Medioambiental, 2002)	23
Tabla 5 Listado de agentes etiológicos de interés	28
Tabla 6 Puntos de muestreo y coordenadas geográficas.....	35
Tabla 7 Cuantificación y pureza del ADN de cada una de las muestras por fluorometría y espectofotometría.....	40
Tabla 8 Lecturas iniciales de la plataforma Illumina, lecturas y porcentaje de lecturas tras la unión con PEAR, lecturas y porcentaje de lecturas tras el filtro de calidad con un Phred 20 en Prinseq, longitud de las lecturas antes y después del corte de los adaptadores y cebadores con TagCleaner y lecturas clasificadas en OneCodex en las muestras de sedimento (S) y agua (A)	43
Tabla 9 Calidad de las secuencias antes y después del tratamiento informático	44
Tabla 10 Por diez mil (°/°°°) de lecturas encontradas de 65 especies de interés en sedimento y agua	57
Tabla 11 Clasificación taxonómica de 65 especies patógenas indicando su presencia en las muestras de agua (A) y/o sedimento (S)	59
Tabla 12 Detección de especies patógenas por punto en la costa marina y ciénaga.....	71

Índice de figuras

Figura 1 Noroeste de la península de Yucatán (Google Earth, 2016)	13
Figura 2 Vías de trasmisión de algunos agentes etiológicos (OMS, s.f.c)...	18
Figura 3 Zonas de muestreo en el noroeste de la península de Yucatán...	34
Figura 4 Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico de las muestras de sedimento de los ojos de agua de La Carbonera y el anidamiento de aves, extraído por los métodos lisis in situ y absorción en sílice (muestra 13 y 15) y con kit (muestra 15) (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría)	38
Figura 5 Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico de las muestras de agua de los ojos de agua de La Carbonera (muestra 14) y el anidamiento de aves (muestra 16), extraído por los métodos lisis in situ y absorción en sílice usando filtros de 0.45 μm y 0.22 μm (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría) .	39
Figura 6 Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico purificado a la izquierda y sin purificación a la derecha. Los indicadores de colores (rojo – UMDI sedimento, amarillo – LANRESC punto 5 agua, y morado – Periferia basurero sedimento) muestran las variaciones en los geles y en las cuantificaciones de las muestras tras el proceso de purificación (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría)	41
Figura 7 Curva de rarefacción de las muestras de agua y sedimento	45
Figura 8 Dendograma de OTUs de las muestras de agua (A) y sedimento (S) con rarificación a 29992 lecturas.....	46
Figura 9 Riqueza específica de las muestras de agua y sedimento tras la rarificación	47
Figura 10 Índice de diversidad de Shannon de las muestras de agua y sedimento.....	48

Figura 11 Índice de equitatividad de Pielou de las muestras de agua y sedimento.....	48
Figura 12 Índice de dominancia de Simpson de las muestras de agua y sedimento.....	49
Figura 13 Comportamiento de los índices de riqueza, diversidad, equitatividad y dominancia en las muestras de sedimento	50
Figura 14 Comportamiento de los índices de riqueza, diversidad, equitatividad y dominancia en las muestras de agua	50
Figura 15 Cantidad de géneros con potencial patógeno presentes por punto de muestreo, en el sedimento y en el agua	51
Figura 16 Cantidad de muestras en las que se detectaron cada uno de los géneros reportados con potencial patógeno en agua y sedimento	52
Figura 17 Composición de géneros con potencial patógeno en las muestras de sedimento	53
Figura 18 Composición de géneros con potencial patógeno en las muestras de agua	53
Figura 19 Por diez mil (°/ooo) de lecturas de los 22 géneros con potencial patógeno en las muestras de sedimento.....	54
Figura 20 Por diez mil (°/ooo) de lecturas de los 23 géneros con potencial patógeno en las muestras de agua	55
Figura 21 Dendograma de abundancias relativas de géneros con potencial patógeno de las muestras de agua (A) y sedimento (S).....	56
Figura 22 Cantidad de muestras en las que se detectaron cada una de las 65 especies patógenas tanto en el agua como en el sedimento.....	60
Figura 23 Cantidad de especies patógenas presentes por punto, en el sedimento y el agua en cada uno de los puntos de muestreo.....	61
Figura 24 Por diez mil (°/ooo) de las especies patógenas de interés en cada punto muestreado tanto en agua como en sedimento – 1. Bajo de 10 (mar adentro), 2. Puerto de abrigo – mar, 3. UMDI, 4. LANRESC punto 3, 5. LANRESC punto 5, 6. Este del muelle, 7. Oeste del muelle, 8. Desagüe de la granja camaronera, 9. Puerto de abrigo – mirador, 10.	

Puerto de abrigo – laguna, 11. Cerca de la estación de gasolina, 12. Cerca de la población (borde habitado), 13. Periferia al basurero, 14. Ojo de agua - anidamiento de aves, 15. Ojo de agua – La Carbonera, 16. Ojo de agua - La Bocana, 17. La Bocana entrada, 18. La Bocana fondo medio, 19. La Bocana fondo profundo.....	67
Figura 25 Por diez mil (°/ooo) de lecturas de las 54 especies patógenas detectadas en las muestras de sedimento	69
Figura 26 Por diez mil (°/ooo) de lecturas de las 54 especies patógenas detectadas en las muestras de agua	70
Figura 27 Mapa con la microbiota detectada	72

Índice de anexos

Anexo A Parámetros fisicoquímicos de los puntos de muestreo.....	153
Anexo B <i>Unidades formadoras de colonias y cationes presentes en las muestras de agua</i>	154
Anexo C <i>Nitrógeno, fosforo, carbono y solidos totales suspendidos en las muestras de agua</i>	155
Anexo D <i>Porcentaje de humedad, nitrógeno, carbono, hidrógeno, azufre y oxígeno de las muestras de sedimento</i>	156
Anexo E <i>Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico de las muestras de sedimento (muestra 15) y agua (muestra 16) del ojo de agua del anidamiento de aves, extraído por los métodos lisis in situ - absorción en sílice y con kit (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría)</i>	157
Anexo F <i>Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico de las muestras de agua (muestra 18), sedimento (muestra 19 a, 19 b y 19 c) y aire (muestra 20) del Bajo de 10, extraído por los métodos lisis in situ - absorción en sílice (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría)</i>	158
Anexo G <i>Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico de las muestras de agua (muestra 21, 29, 31, 33, 35, 39 y 41), sedimento (muestra 22, 30, 32, 34, 36, 40 y 42) y aire (muestra 23 y 26) de UMDI, Puerto de abrigo, LANRESC 5 (29 y 30), LANRESC 3 (31 y 32), Oeste del muelle (33 y 34), Este del muelle (35 y 36), Desagüe granja camaronera y Periferia basurero, extraído por los métodos lisis in situ - absorción en sílice (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría)</i>	159
Anexo H <i>Cuantificación del ADN de los puntos muestreados, por fluorometría y espectrofotometría (Nanodrop 2000 y Nanodrop ONE), absorbancias y relación de pureza de las diferentes extracciones preliminares</i>	162

Anexo I <i>Cuantificación del ADN de muestras purificadas por espectrofotometría (Nanodrop ONE)</i> ,.....	163
Anexo J <i>Clasificación de los 65 agentes etiológicos de interés por género según la vía de afectación al humano, Gastrointestinal (GI), Respiratorio (R), Tópico (T) y Otros Sistemas (OS)</i>	164
Anexo K <i>Clasificación de los 65 agentes etiológicos de interés por género de acuerdo al medio en el que la literatura reporta que habitan</i>	166
Anexo L <i>Clasificación de los 65 agentes etiológicos de interés de acuerdo a la aplicación en biorremediación o industrial</i>	170

Resumen

Este trabajo surgió con la intención de contestar a la pregunta de si había y si se podían detectar agentes etiológicos en el agua y sedimento, en el ambiente costero, específicamente en el noroeste de la península de Yucatán, por medio de secuenciación masiva (Illumina). Para ello, se realizaron muestreos en diferentes temporadas del año, con un total de 19 puntos en torno al poblado del Puerto de Sisal, en la costa marina, ciénaga y mar adentro, colectando muestras a lo largo de la columna de agua y del sedimento subyacente a esta.

Tras la extracción del ADN por el método de lisis *in situ* y absorción en sílice, se enviaron las muestras a secuenciar, obteniendo 7 407 007 lecturas correspondientes a 18 muestras de agua y 15 de sedimento. Posterior al tratamiento informático, se trabajó con 796 632 lecturas de las muestras de sedimento asignadas a 3230 OTUs, y con 1 112 644 para agua, relacionadas a 2694 OTUs.

Se detectaron 65 agentes etiológicos de interés, algunos pertenecientes a 23 géneros reportados en la literatura con este carácter. Algunos de los agentes se hallaron en los dos medios colindantes, otros solo en uno, predominando *Burkholderia pseudomallei*, *Clostridium botulinum*, *Helicobacter pylori*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae*, *Peptoclostridium difficile*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Bacillus anthracis*, *Coxiella burnetii* y *Enterococcus faecalis*. Por microbiología tradicional, se estableció que los puntos muestreados cumplen con la norma estimada para coliformes totales y fecales, menos el ojo de agua de anidamiento de aves.

Por medio de un *cluster* de disimilitud, se logró establecer que la microbiota detectada guarda similitud entre los medios que son detectados (agua o sedimento) y los ambientes colectados (costa marina o ciénaga); también se estableció similitud entre el agua y el sedimento subyacente.

Por último, se buscó en que otro tipo de investigaciones se han reportado los agentes de interés detectados, y se encontró que tienen potencial uso en biorremediación de hidrocarburos, pesticidas y metales pesados, así como aplicaciones industriales.

Palabras clave: *NGS, microbiota, agentes etiológicos, ambientes costeros, agua y sedimento.*

1 Introducción

Es del interés del sector salud internacional seguir, evaluar y analizar la situación de salud de la población, queriendo ir así, hacia una cultura más preventiva y oportuna (OPS, 2002). Pensar en un escenario en el que se minimicen los tiempos de detección de las enfermedades, se controlen los agentes que las ocasionan, y si procede, se elimine el foco de contaminación, es un impacto no solo positivo para la población y su bienestar, sino que es un alivio económico tanto para la sociedad por el gasto de bolsillo, como para el sistema de salud (Epstein & Rapport, 1996; Friman *et al.*, 2011; OECD, 2016; Peñaloza *et al.*, 2014; Rowensztein *et al.*, 2007; Secretaría de Salud, 2007).

En los últimos años, los avances en la ecología microbiana se han reflejado en la aplicación de técnicas moleculares para la detección de microorganismos en muestras ambientales. Estas técnicas son más rápidas, ya que no necesitan cultivos de los microorganismos, y detectan poblaciones microbianas concretas por medio de marcadores moleculares (Atlas & Bartha, 2002; Deshmukh *et al.*, 2016).

Con este panorama en la actualidad y con el ánimo de trabajar en los ambientes de la zona costera de la parte noroeste de la península de Yucatán, se planteó detectar agentes etiológicos identificados y que son de interés tanto para el Estado de Yucatán como para el Laboratorio de Estudios Ecogenómicos de la UNAM, por medio de secuenciación masiva del gen ARNr 16S. Algunos de los agentes de interés a identificar con esta técnica molecular son: *Acinetobacter baumannii*, *Bacillus anthracis*, *Bordetella pertusis y parapertusis*, *Borrelia burgdorferi*, *Burkholderia cepacia*, *Campylobacter coli*, *Chlamydia psittaci*, *Clostridium botulinum*, *Corynebacterium diphtheriae*, *Deinococcus radiodurans*, *Ehrlichia spp.*, *Enterococcus faecalis*, *Escherichia coli O157:H7*, *Flavobacterium meningosepticum*, *Legionella pneumophila*, *Leptospira interrogans*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Neisseria meningitidis*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Rickettsia spp.*, *Salmonella enterica serovar Typhi y Paratyphi*, *Serratia marcescens*, *Shigella spp.*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae*, *Vibrio vulnificus*, *Vibrio Cholerae*, *Vibrio cincinnatiensis*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Yersinia enterocolitica* y *Yersinia pseudotuberculosis*.

2 Preguntas de investigación

¿Hay agentes etiológicos presentes y son detectables con secuenciación masiva del gen ARNr 16S, en el agua y sedimento de la costa marina y ciénaga de Sisal?

¿Qué diferencias hay entre el agua y sedimento de la costa marina, y el agua y sedimento de la ciénaga de Sisal, en relación a la composición taxonómica de agentes etiológicos detectados?

¿Hay predominancia de un determinado grupo de agentes etiológicos entre las muestras del noroeste de la zona costera de la península de Yucatán?

3 Objetivos

3.1 Objetivo general

Utilizando tecnologías de ADN, identificar agentes etiológicos en el ambiente costero del noroeste de la península de Yucatán.

3.2 Objetivos específicos

Detectar en agua y sedimento de la costa marina y ciénaga del noroeste de la península de Yucatán, la presencia de agentes etiológicos, empleando secuenciación masiva del gen ARNr 16S.

Comparar la microbiota ambiental detectada de los agentes etiológicos en el sedimento y agua, tanto de la costa marina como de la ciénaga de Sisal.

Georreferenciar la presencia de la microbiota ambiental patógena caracterizada, en cada uno de los ambientes estudiados en el noroeste de la península de Yucatán en un mapa.

4 Antecedentes

Lugar de estudio

La península de Yucatán, se encuentra en México, entre las coordenadas geográficas 19° 40' y 21° 37' N y 87° 30' y 90° 26' O; rodeada por el golfo de México y el mar Caribe, y ocupa un área de 39340 km². El clima en la península consta de tres temporadas características, secas desde marzo hasta junio, lluvias desde julio hasta octubre, y “nortes”, periodo que comprende desde noviembre a febrero, con fuertes vientos que llegan del norte y un poco de tormentas. La temperatura promedio anual del aire es de 26.1 °C, con un mínimo de 5 °C y un máximo de 42.5 °C. La precipitación anual varía de 760 mm año⁻¹ a 1198 mm año⁻¹ en la parte norte, y de 1138 mm año⁻¹ a 1440 mm año⁻¹ en la parte sur (Aranda *et al.*, 2006; Schmitter *et al.*, 2002).

Debido al suelo cárstico, los aportes de agua dulce llegan a la costa como manantiales subterráneos y no como ríos superficiales. La circulación de agua en la península se da entre el anillo de los cenotes, con dirección a la costa, y con flujos predominantes hacia los extremos, Bocas de Dzilám y Celestun (Herrera *et al.*, 2010).

Sisal es un puerto mexicano, ubicado en el litoral noroeste de la península y del estado de Yucatán, en el golfo de México. Localizado en el municipio de Hunucmá, a 63 km de Mérida, ciudad principal del estado, y a 40 km por mar del puerto de Progreso, principal puerto de altura de la región. Los límites geográficos del puerto de Sisal - Yucatán son: latitud 21° 36' N, 19° 32' S, longitud 87° 32' E, 90° 25' O. En el puerto predomina el clima cálido subhúmedo, con lluvias regulares en tiempo de secas. La temperatura media anual es de 25.6 °C, siendo la máximas en el mes de mayo (36 °C) y las mínimas en el mes de enero. Las lluvias del Este caen en la época de junio a octubre (DIGAOHM, s.f.).

En Sisal no existen ríos en el sentido hidrológico, sin embargo, existe un sistema lagunar estuarino conocido como “La Ciénega”, que se localiza geográficamente en la latitud 21°09'45" N y longitud 90°02'56" O. El puerto de Sisal se construyó sobre la franja arenosa que divide el mar con la ciénega. Las corrientes marinas predominantes llevan dirección hacia el

oeste, paralelas a la costa, con velocidad promedio de 0.5 nudos y máximas de 2 nudos (DIGAOHM, s.f.).

La principal actividad económica costera del puerto es la pesca, para la cual no se reportan áreas de restricción. Hay empresas de acuicultura de peces y camarón. El negocio del turismo y la caza dependen de la temporada. Los demás negocios son comercio al por menor (DIGAOHM, s.f., INEGI, 2010).

Según el último censo (2010), el número de habitantes del puerto es de 1837 (INEGI, 2010).



Figura 1 Noroeste de la península de Yucatán (Google Earth, 2016)

Microorganismos con afectación a la salud humana - patógenos

Para establecer los agentes que pueden ser un riesgo a la salud, es necesario tener claridad del concepto salud “*estado de completo bienestar físico, mental y social, y no solamente la ausencia de afecciones o enfermedades*” (OMS, s.f.a). Viendo la amplitud de condiciones que de allí se despliegan, se puede ver que la salud es afectada por diversos agentes externos, desde ambientes laborales y condiciones sociales, hasta contaminantes ambientales, agentes tóxicos y patógenos. Una de las ramas de estudio que propende por la prevención, sostenimiento y mejoramiento de la salud de la población, es la salud pública, en la cual se hace un trabajo articulado desde la parte gubernamental hasta la comunidad, para velar por entornos ambientales y niveles de vida, lo más óptimos posibles y minimizar estos agentes adversos (Figueroa, 2012; OPS, 2002).

Es necesario tener presente que el riesgo en general varía con cada una de las personas (siendo unas más susceptibles que otras), y que este puede ser un factor que aumente la probabilidad o que produzca un resultado adverso. Para hacer una evaluación o análisis de este riesgo, es necesario definir, caracterizar y cuantificar las amenazas para la salud y/o para el medio ambiente. El tipo y grado de riesgo dependerá básicamente de cuatro factores: nivel de peligro (datos toxicológicos), exposición al agente (comportamiento y fisiología), relación dosis-respuesta (efecto de acuerdo a dosis y magnitud de exposición) y caracterización del riesgo (riesgo sanitario - estimado de personas que pueden verse afectadas) (OMS, 2002a).

Al centrarse en el riesgo a la salud, y caracterizar los peligros y el perfil de las enfermedades humanas asociadas a un determinado patógeno, se debe tener en cuenta los parámetros mencionados anteriormente de forma extendida, teniendo que coleccionar información relativa acerca de:

- Proceso patológico: evaluación de la capacidad del patógeno para provocar una enfermedad; se realiza por análisis de la información científica y/o evaluada disponible (estudios clínicos, caracterización del patógeno y mecanismos biológicos que intervienen). Según la FAO, para los patógenos transmitidos por el agua y los alimentos, se deben tener en cuenta los aspectos biológicos del proceso patológico.

- Patógeno: características del agente que afectan su capacidad para causar enfermedad en el huésped. En el análisis se tendrá en cuenta el carácter biológico del patógeno (bacterias, virus, parásito, etc.), así como los mecanismos pertinentes que causan la enfermedad (infeccioso, tóxicoinfeccioso, toxigénico, invasivo o no, enfermedad mediada por el sistema inmunitario, etc.).
- Huésped: características de la población humana potencialmente expuesta, que pueden influir en la susceptibilidad a un patógeno determinado, teniendo en cuenta los rasgos intrínsecos y adquiridos del huésped, que modifican la verosimilitud de la infección, o lo que es más importante, la probabilidad de la enfermedad y su gravedad.
- Matriz: son factores principales, que pueden influir en la supervivencia del patógeno a través del entorno hostil, efectos que pueden estar inducidos por la protección del patógeno.
- Dosis-respuesta: relación entre la dosis ingerida, la infección y la manifestación y magnitud de los efectos en la salud de las personas expuestas. (FAO, 2004)

De acuerdo a los parámetros en mención de patogenicidad, y a la afectación de este a la salud o a la enfermedad *“alteración o desviación del estado fisiológico en una o varias partes del cuerpo, por causas en general conocidas, manifestada por síntomas y signos característicos, y cuya evolución es más o menos previsible”* (Herrero, 2016), los países generan listados de interés público, en los cuales se establecen los microorganismos y patologías prevalentes en su población, con el fin de crear estrategias de vigilancia, promoción y prevención. En México, el Instituto Nacional de Salud Pública (INSP) cuenta con el siguiente listado para tal fin:

	Clase	Adquisición
Clasificación Enfermedad / Microorganismo	1	Estándar
	2	Vía aérea
	3	Contacto
	4	Gotas
	5	Contacto plus

Enfermedad / Microorganismo	Clase
Abscesos (sin vendaje o sin drenaje cerrado)	3
<i>Acinetobacter baumani</i> , multidrogoresistente	3
<i>Acinetobacter</i> sp. XDR	3
Adenovirus, conjuntivitis	3
Adenovirus, gastroenteritis	1
Adenovirus, neumonía	3 y 4
Amibiasis	1
Aspergilosis	1
<i>Bordetella pertussis</i>	4
<i>Burkholderia cepacia</i> , neumonía	3
<i>Campylobacter</i>	1
Candidiasis	1
<i>Clostridium difficile</i>	5
CMV, inmunocomprometido	1
Coccidiomicosis	1
Cólera	1
Conjuntivitis, Chlamydia	1
Conjuntivitis, aguda viral (aguda hemorrágica)	3
Conjuntivitis, bacteriana	1
<i>Coxiella burnetti</i>	1
Criptococosis	1
Diarrea	5
Diarrea, paciente incontinente uso de pañal	5
Ebola	2 y 5
Enfermedad piel, mano, boca, otros enterovirus	1
Enterococo resistente a vancomicina (ERV)	3
Enterovirus	1
Epstein Barr, virus	1
ERV	3
Escabiasis, <i>Sarcoptes scabiei</i> (sarna)	3
<i>Eschericia coli</i> BLEE	3
<i>Estafilococo coagulasa</i> negativo	1
Estrongiloidosis	1
Fiebre Q, <i>Coxiella burnetti</i>	1
Fiebres hemorrágicas (Lassa, Marburg)	3 y 4

Enfermedad / Microorganismo	Clase
Influenza estacional	3 y 4
<i>Klebsiella pneumoniae</i> XDR	3
Legionelosis	1
Listeriosis	1
Lyme, enfermedad de	1
Malaria	1
MDR, Organismos multidrogoresistentes	3
Meningitis, aséptica	1
Meningitis, bacteriana no sospecha meningococo	1
Meningitis, bacteriana sospecha meningococo	4
Meningococemia	4
Metapneumovirus humano, hMPV	3
Micobacterias atípicas	1
Monkeypox, viruela de los monos	2 y 3
Mononucleosis infecciosa, Epstein Barr infección aguda	1
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	4
Norovirus (ver gastroenteritis)	1
Paludismos	1
Parainfluenza	3
Parotiditis (paperas)	4
Parvovirus B19	4
Pediculosis, capitis	3
Pediculosis, corporal	1
Pediculosis, púbica	1
Peste, <i>Yersenia pestis</i>	4
<i>Pneumocystis jiroveci</i> (<i>Pneumocystis carinii</i>)	1
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> MDR o XDR	3
Rabia	
Rickettsiosis	1
Rinovirus	4
Rotavirus	5
RSV	3
Rubeola	2
Sarna	3
Sarampión	2

Enfermedad / Microorganismo	Clase	Enfermedad / Microorganismo	Clase
Gastroenteritis infecciosa	5 y 1	SARS	2 y 3
Gastroenteritis, adenovirus	1	Sífilis, latente	1
Gastroenteritis, Cryptosporidium	1	Sífilis, primaria o secundaria	1
Gastroenteritis, <i>E. coli</i> O157:H7	5	Síndrome de choque tóxico, estafilococo	3
Giardia intestinalis	1	Síndrome de choque tóxico, estreptococo	3 y 4
Gonorrea	1	Síndrome respiratorio agudo y grave, SARS	2 y 3
Haemophilus influenzae tipo b, sospecha o diagnóstico	4	<i>Staphylococcus aureus</i> , resistente (MRSA)	3
Hepatitis A	1	<i>Staphylococcus aureus</i> , sensible (MSSA)	1
Hepatitis B	1	<i>Staphylococcus aureus</i> , Síndrome de choque tóxico	3
Hepatitis C	1	<i>Staphylococcus aureus</i> , Síndrome de piel escaldada	3
Hepatitis E	1	<i>Streptococcus</i> , grupo A	4
Heridas infectadas, no contenidas por curación	3	<i>Streptococcus</i> , Síndrome de choque tóxico	3 y 4
Herpes simple, meningoencefalitis	1	Tosferina	4
Herpes simple, mucocutáneo diseminado	3	Tosferina, pertussis	4
Herpes simple, recurrente (oral o genital)	1	Tuberculosis, extrapulmonar con lesión drenado	2 y 3
Herpes zóster, diseminado	2 y 3	Tuberculosis, extrapulmonar sin lesión drenado	1
Herpes zóster, localizado e inmunocompetente	1	Tuberculosis, latente	1
Herpes zóster, localizado e inmunocomprometido	2 y 3	Tuberculosis, pulmonar o laríngea	2
Histoplasmosis	1	VIH	1
Impétigo	3	VIH, Infección por virus de la inmunodeficiencia humana	1
Infección de vías urinarias, gérmenes sensibles	1	Viruela	2 y 3
Influenza aviar	3 y 4	Virus respiratorio sincicial (VRS)	3
Influenza epidémica	3 y 4		

Tabla 1 Listado de agentes etiológicos y patologías reportados por INSP de México (INNSZ, 2013)

Los microorganismos tienen diferentes vehículos de transmisión, como los alimentos contaminados, utensilios, el aire, el agua, etc. Cada vehículo de transmisión se puede relacionar con una vía de ingesta o de adquisición

(contacto) con los patógenos, a continuación, algunas de las enfermedades, vías de transmisión y microorganismos:

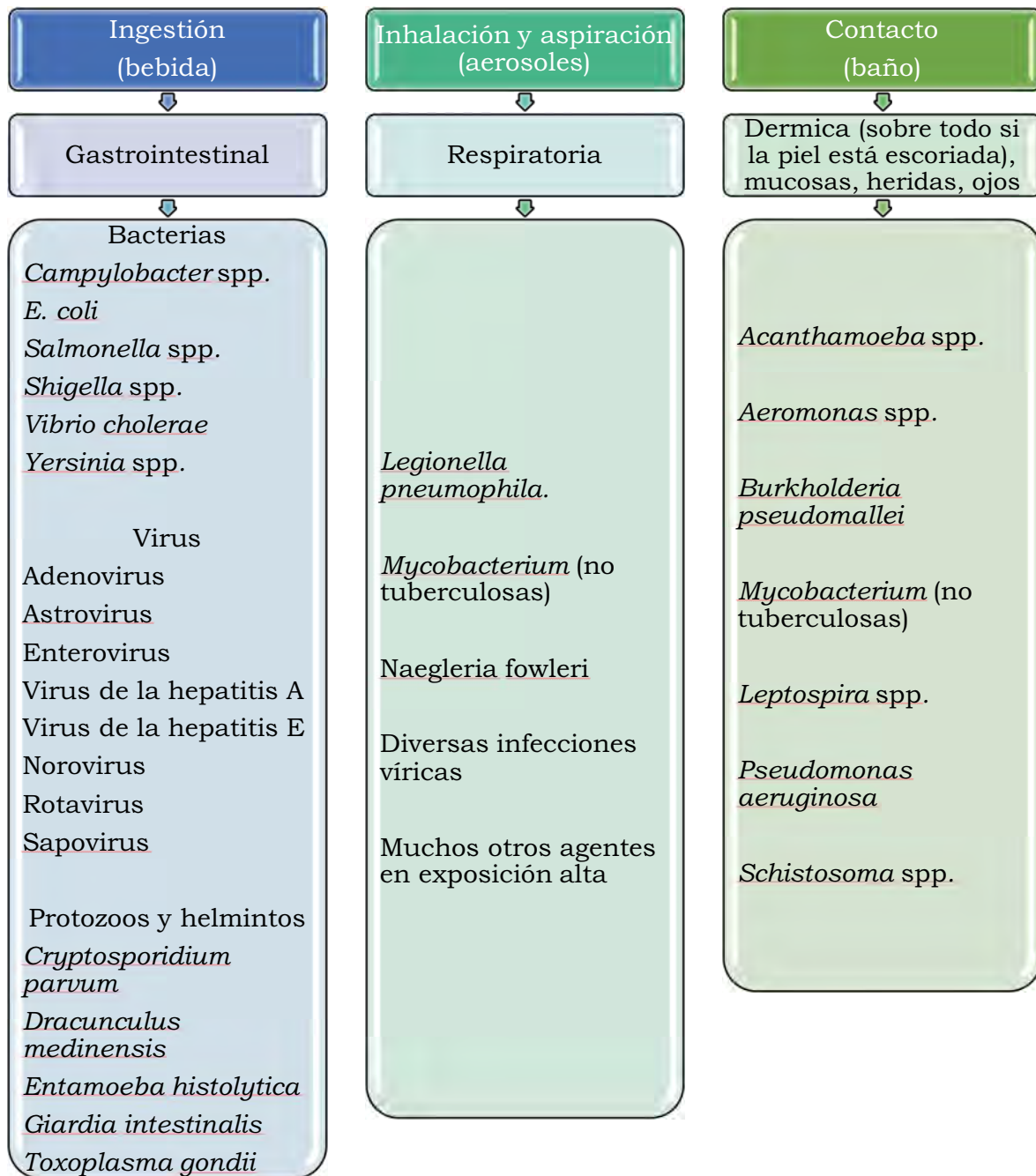


Figura 2 Vías de trasmisión de algunos agentes etiológicos (OMS, s.f.c)

Agentes etiológicos en el agua

En uno de los reportes de análisis microbiológicos de la OPS (Organización Panamericana de la Salud), refieren que la flora microbiana patógena en este medio, depende de los contaminantes que allí lleguen, y no de su desarrollo en si en este medio; dentro de dichos contaminantes están los productos inorgánicos, orgánicos y biológicos como hongos y bacterias. (Trevisan *et al.*, 2000). De esta última contaminación (patógenos), refieren que “*la gravedad de los efectos sobre la salud humana ocasionados por agentes transmitidos por el agua es variable, de gastroenteritis leve a diarrea grave, a veces mortal, disentería, hepatitis y fiebre tifoidea. El agua contaminada puede ser la fuente de grandes epidemias de enfermedades, como el cólera, la disentería y la criptosporidiosis; sin embargo, la mayoría de los agentes patógenos transmitidos por el agua presentan otras vías de infección importantes, como el contacto de persona a persona y la transmisión por los alimentos*” (OMS, s.f.c).

Agente patógeno	Importancia para la salud	Persistencia en sistemas de abastecimiento	Resistencia al cloro	Infectividad relativa	Fuente animal importante
Bacterias					
<i>Burkholderia pseudomallei</i>	Baja	Puede	Baja	Baja	No
<i>Campylobacter jejuni</i> , <i>C. coli</i>	Alta	Proliferar	Baja	Moderada	Sí
<i>Escherichia coli</i> patógena	Alta	Moderada	Baja	Baja	Sí
<i>E. coli</i> enterohemorrágica	Alta	Moderada	Baja	Alta	Sí
<i>Legionella</i> spp.	Alta	Moderada	Baja	Moderada	No
Micobacterias no tuberculosas	Baja	Prolifera	Alta	Baja	No
<i>Pseudomonas aeruginosae</i>	Moderada	Prolifera	Moderada	Baja	No
<i>Salmonella typhi</i>	Alta	Puede	Baja	Baja	No
Otras salmonelas	Alta	Proliferar	Baja	Baja	Sí
<i>Shigella</i> spp.	Alta	Moderada	Baja	Moderada	No
<i>Vibrio cholerae</i>	Alta	Puede	Baja	Baja	No
<i>Yersinia enterocolitica</i>	Alta	Proliferar corta – larga	Baja	Baja	Sí
Virus					
Adenovirus	Alta	Larga	Moderada	Alta	No
Enterovirus	Alta	Larga	Moderada	Alta	No

Norovirus y sapovirus	Alta	Larga	Moderada	Alta	Potencial
Rotavirus	Alta	Larga	Moderada	Alta	No
Virus hepatitis A	Alta	Larga	Moderada	Alta	No
Virus hepatitis E	Alta	Larga	Moderada	Alta	Potencial
Protozoos					
<i>Acanthamoeba</i> spp.	Alta	Larga	Alta	Alta	No
<i>Cryptosporidium parvum</i>	Alta	Larga	Alta	Alta	Sí
<i>Cyclospora cayetanensis</i>	Alta	Larga	Alta	Alta	No
<i>Entamoeba histolytica</i>	Alta	Moderada	Alta	Alta	No
<i>Giardia intestinalis</i>	Alta	Moderada	Alta	Alta	Sí
<i>Naegleria fowleri</i>	Alta	Puede proliferar	Alta	Alta	No
<i>Toxoplasma gondii</i>	Alta	Larga	Alta	Alta	Sí
Helmintos					
<i>Dracunculus medinensis</i>	Alta	Moderada	Moderada	Alta	No
<i>Schistosoma</i> spp.	Alta	Corta	Moderada	Alta	Sí

Tabla 2 Agentes etiológicos transmitidos por el agua (OMS, s.f.c)

Agentes etiológicos en sedimento

Haciendo la revisión en la literatura sobre los patógenos reportados en sedimentos, se hace evidente que estos pueden provenir de fuentes difusas como escorrentías superficiales, y de fuentes puntuales, tales como drenajes sanitarios y las heces de los animales circundantes; por lo que comparten en alguna proporción los componentes de la microbiota con el agua (Malham *et al.*, 2014).

La supervivencia de estos patógenos y microorganismos en general, varía o está determinada por los factores fisicoquímicos y biológicos del medio, razón por la cual tienen protección al asociarse con partículas o films de la superficie al ser adsorbidos por estas; de igual forma, la complejidad estructural del suelo, favorece una mayor diversidad de las poblaciones de microorganismos, ya que estos se distribuyen en los diferentes estratos de acuerdo a sus requerimientos y capacidad de adaptación. (Eguiarte *et al.*, 2007).

Algunos de los patógenos reportados en el sedimento son:

Bacterias		
<i>Aeromonas caviae</i>	<i>Prorocentrum cf foraminosum</i>	<i>Trichuris trichiura</i>
<i>Aeromonas schubertii</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	<i>Tsukamurella</i>
<i>Alcaligenes</i>	<i>Salmonella paratyphi</i>	<i>Vibrio Cholerae</i>
<i>Burkholderia pseudomallei</i>	<i>Salmonella typhi</i>	<i>Vibrio fluvialis</i>
<i>Campylobacter jejuni</i>	<i>Scrippsiella trochoidea</i>	<i>Vibrio furnissii</i>
<i>Clostridium botulinum</i>	<i>Shigella sonnei</i>	<i>Vibrio harveyi</i>
<i>Clostridium perfringens</i>	<i>Shigella spp.</i>	<i>Vibrio mimicus</i>
<i>Escherichia coli</i>	<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Vibrio splendidus</i>
<i>Prorocentrum cf concavum</i>	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	<i>Vibrio vulnificus</i>
Virus		
<i>Adenoviruses</i>	<i>Echoviruses</i>	<i>Norovirus</i>
<i>Coxsackieviruses</i>	<i>Hepatitis A</i>	
Protozoos		
<i>Cryptosporidium parvum</i>	<i>Giardia duodenalis</i>	

Tabla 3 Agentes etiológicos transmitidos por el sedimento

(Abia *et al.*, 2015; Berrueta, 2015; Brooke, 2012; Carroll *et al.*, 2012; Chen *et al.*, 2014; Eslava *et al.*, 2004; Faust, 1993; García & Antillón, 1990; González *et al.*, 2004; Joseph *et al.*, 1988; Leyton & Riquelme, 2008; López *et al.*, 2009a; Malham *et al.*, 2014; Morozova *et al.*, 2016; NMNH, 2007; OMS, 2002b; Soberón, 2010; Stalin & Srinivasan, 2016; Ulanova & Goo, 2014; Wijesinghe *et al.*, 2015)

Agentes etiológicos en el aire

De acuerdo a estudios del aire en diferentes lugares de atmósfera cerrada y abierta, y a través del tiempo, se encontró que las condiciones estacionales, la cercanía a determinados ambientes, la latitud, la proximidad a la costa e incluso las horas del día, afectan la cantidad y variedad de la microbiota en el medio (Gutiérrez & Gómez, 2010). “La atmósfera no tiene una microbiota autóctona, pero es un medio para la dispersión rápida y global de muchos tipos de microorganismos. Además, hay una importante transferencia de ellos y de sus metabolitos gaseosos entre la atmósfera, la hidrosfera y la litosfera”. (Observatorio Medioambiental, 2002)

Al referirse a las enfermedades causadas por agentes patógenos aéreos, se hace una diferenciación, de acuerdo a si esta fue adquirida por contacto o por un agente secundario (las gotas que caen sobre objetos intermedios, se secan dejando un núcleo seco, que puede tener patógenos adheridos). (UDEA, s.f.) Algunas de las enfermedades y los microorganismos reportados para este medio son:

Bacterias		
Enfermedades	Especies	
Actinomicosis	<i>Actinomyces israelii</i>	
Amigdalitis, faringitis, bronquitis, escarlatina	<i>Streptococcus pyogenes</i>	
Carbunco pulmonar	<i>Bacillus anthracis</i>	
Difteria	<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	
Fiebre Q	<i>Coxiella burnetii</i>	
Legionelosis	<i>Legionella pneumophila</i>	
Meningitis	<i>Neisseria meningitidis</i>	
Meningitis, epiglotitis, neumonía	<i>Haemophilus influenzae</i>	
Neumonía clásica	<i>Streptococcus pneumoniae</i>	
	<i>Staphylococcus aureus</i>	
	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	
Neumonía atípica, bronquitis	<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	
	<i>Chlamydophila pneumoniae</i>	
	<i>Chlamydophila psittaci</i>	
Nocardiosis	<i>Nocardia asteroides</i>	
Peste	<i>Yersinia pestis</i>	
Tosferina	<i>Bordetella pertussis</i>	
Tuberculosis	<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	
Virus		
Enfermedades	Familia	Género
Bronquitis, neumonía	<i>Paramyxoviridae</i>	<i>Pneumovirus</i>
	<i>Adenoviridae</i>	<i>Mastadenovirus</i>
	<i>Bunyaviridae</i>	<i>Hantavirus</i>
Gastroenteritis	<i>Reoviridae</i>	<i>Rotavirus</i>
	<i>Caliciviridae</i>	<i>Virus Norwalk</i>
Gripe	<i>Orthomyxoviridae</i>	<i>Influenzavirus</i>
Parotiditis	<i>Paramyxoviridae</i>	<i>Rubulavirus</i>
Poliomielitis	<i>Picornaviridae</i>	<i>Enterovirus</i>

Rabia	<i>Rhabdoviridae</i>	<i>Lyssavirus</i>
Resfriado común	<i>Picornaviridae</i>	<i>Rhinovirus</i>
	<i>Adenoviridae</i>	<i>Mastadenovirus</i>
Rubeola	<i>Togaviridae</i>	<i>Rubivirus</i>
Sarampión	<i>Paramyxoviridae</i>	<i>Morbillivirus</i>
Varicela	<i>Herpesviridae</i>	<i>Varicellovirus</i>
Viruela	<i>Poxviridae</i>	<i>Orthopoxvirus</i>
Fúngicas		
Enfermedades	Hongos	
Hipersensibilidad	<i>Alternaria</i>	<i>Botrytis</i>
	<i>Aspergillus</i>	<i>Puccinia</i>
	<i>Penicillium</i>	<i>Serpula</i>
	<i>Cladosporium</i>	<i>Mucor</i>
Micosis sistémicas	<i>Cryptococcus neoformans</i>	<i>Coccidioides immitis</i>
	<i>Blastomyces dermatitidis</i>	<i>Aspergillus fumigatus</i>
	<i>Histoplasma capsulatum</i>	
Micotoxicosis	<i>Aspergillus</i>	<i>Fusarium</i>
	<i>Stachybotrys</i>	
Neumonías	<i>Pneumocystis carinii</i>	

Tabla 4 Agentes etiológicos transmitidos por el aire (Observatorio Medioambiental, 2002)

Agentes etiológicos de interés

El Laboratorio de Estudios Ecogenómicos de la UNAM, tiene interés en la detección oportuna de agentes causantes de enfermedades diarreicas y respiratorias, infecciones nosocomiales e intoxicaciones (ingesta de productos de mar contaminados). Investigación que se ha desarrollado en el marco del proyecto CONACyT PN 212745 que a su vez forma parte del LANRESC (Laboratorio Nacional de Resiliencia Costera del Instituto de Ingeniería de la UNAM).

Los estudios, se desarrollan en torno a un grupo de microorganismos específicos, compuesto por (tabla 5): 118 bacterias, dentro de ellas hay 14 Actinobacterias, 1 Bacteroidete, 3 Chlamydiaes, 4 Cyanobacterias, 1 Deinococcus-Thermus, 12 Firmicutes, 72 Proteobacterias, 10 Spirochaetes y 1 Miscellaneous enterics. 17 del reino Animalia: 1 Arthropoda, 8 Nematodas y 8 Platyhelminthes. 29 del reino Fungi: 23 de Ascomycotas y 6

de Microsporidias; 55 de los Protista: 22 Alveolatas, 4 Amoebozoas, 4 Apicomplexas, 2 Bacillariophytas, 1 Ciliophora, 11 Dinoflagellatas, 1 Euglenozoa, 2 Metamonadas, 1 Percolozoa y 7 Stramenopiles. 40 virus: 6 del grupo I (Virus ADN bicatenario), 1 del grupo II (Virus ADN monocatenario), 2 del grupo III (Virus ARN bicatenario), 16 del IV (Virus ARN monocatenario positivo), 13 del V (Virus ARN monocatenario negativo), 1 del VI (Virus ARN monocatenario retrotranscrito) y 1 del VII (Virus ADN bicatenario retrotranscrito). De igual forma, algunos microorganismos con genes de resistencia a antibióticos.

Agentes etiológicos de interés	<i>Corynebacterium diptheriae</i>
Animalia	<i>Croceobacterium ilecola</i>
Arthropoda	<i>Kocuria rosea</i>
<i>Sarcoptes scabiei</i>	<i>Mycobacterium avium</i>
Nematoda	<i>Mycobacterium chelonae</i>
<i>Ancylostoma</i> sp.	<i>Mycobacterium kansasii</i>
<i>Anisaki</i>	<i>Mycobacterium tuberculosis</i>
<i>Ascaris lumbricoides</i>	<i>Mycobacterium xenopi</i>
<i>Dracunculus medinensis</i>	<i>Nocardia asteroides</i>
<i>Enterobius vermicularis</i>	<i>Tsukamurella</i>
<i>Eustrongylides</i> sp.	Bacteroidetes
<i>Onchocerca volvulus</i>	<i>Flavobacterium meningosepticum</i> (<i>Elizabethkingia meningoseptica</i>)
<i>Trichuris trichiura</i>	Chlamydiae
Platyhelminthes	<i>Chlamydia pneumoniae</i>
<i>Diphyllobothrium</i> spp.	<i>Chlamydia psittaci</i>
<i>Fasciola gigantica</i>	<i>Chlamydia trachomatis</i>
<i>Fasciola hepática</i>	Cyanobacteria
<i>Nanophyetus</i>	<i>Anabaena</i> sp.
<i>Schistosoma</i> spp.	<i>Aphanizomenon</i> sp.
<i>Taenia saginata</i>	<i>Microcystis</i> sp.
<i>Taenia solium</i>	<i>Trichodesmium erythraeum</i>
<i>Taenia</i> sp.	Deinococcus-Thermus
Bacteria	<i>Deinococcus radiodurans</i>
Actinobacteria	Firmicutes
<i>Agromyces rhizosphaerae</i>	<i>Bacillus anthracis</i>
<i>Arthrobacter oxydans</i>	<i>Bacillus cereus</i>
<i>Arthrobacter tumbae</i>	<i>Clostridium botulinum</i>
<i>Corynebacterium afermentans</i>	<i>Clostridium difficile</i>

<i>Clostridium perfringens</i>	<i>Francisella tularensis</i>
<i>Clostridium tetani</i>	<i>Grimontia hollisae</i>
<i>Enterococcus faecalis</i>	<i>Haemophilus influenzae</i>
<i>Listeria monocytogenes</i>	<i>Haemophilus parainfluenzae</i>
<i>Peptococcus</i> sp.	<i>Helicobacter pylori</i>
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	<i>K. pneumoniae/K. variicola</i>
<i>Staphylococcus aureus</i>	<i>Klebsiella oxytoca</i>
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	<i>Klebsiella planticola (Raoultella planticola)</i>
Proteobacteria	<i>Klebsiella pneumoniae</i>
<i>Acinetobacter baumannii</i>	<i>Leclercia adecarboxylata</i>
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	<i>Legionella pneumophila</i>
<i>Aeromonas caviae</i>	<i>Moraxella catarrhalis</i>
<i>Aeromonas dhakensis</i>	<i>Moraxella lacunata</i>
<i>Aeromonas hydrophila</i>	<i>Neisseria meningitidis</i>
<i>Aeromonas jandaei</i>	<i>Ochrobactrum anthropi</i>
<i>Aeromonas schubertii</i>	<i>Pantoea agglomerans</i>
<i>Aeromonas veronii</i> subsp. <i>Sobria</i>	<i>Pasteurella haemolytica</i>
<i>Alcaligenes</i>	<i>Pasteurella</i> sp.
<i>Bordetella parapertusis</i>	<i>Photobacterium damsela</i>
<i>Bordetella pertussis</i>	<i>Plesiomonas shigelloides</i>
<i>Brucella abortus</i>	<i>Proteus mirabilis</i>
<i>Burkholderia cepacia</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
<i>Burkholderia mallei</i>	<i>Rahnella aquatilis</i>
<i>Burkholderia pseudomallei</i>	<i>Rhodobacter sphaeroides</i>
<i>Campylobacter coli</i>	<i>Rickettsia</i> spp.
<i>Campylobacter fetus</i>	<i>Salmonella enterica</i> serovar <i>Paratyphi</i>
<i>Campylobacter jejuni</i>	<i>Salmonella enterica</i> serovar <i>Typhi</i>
<i>Campylobacter laridis</i>	<i>Serratia marcescens</i>
<i>Cardiobacterium</i>	<i>Shigella</i>
<i>Cedecea lapagei</i>	<i>Shigella</i> spp.
<i>Coxiella burnetii</i>	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>
<i>Ehrlichia canis</i>	<i>Vibrio vulnificus</i>
<i>Ehrlichia</i> spp.	<i>Vibrio alginolyticus</i>
<i>Enterobacter cloacae</i>	<i>Vibrio Cholerae</i>
<i>Escherichia coli</i> O157:H7	<i>Vibrio cincinnatiensis</i>
<i>Escherichia coli</i> (ECEH, ECET, ECEP, ECEI, ECEA, ECAD)	<i>Vibrio fluvialis</i>
<i>Escherichia coli</i> aac(6'Ib)	<i>Vibrio furnissii</i>
<i>Ewingella americana</i>	<i>Vibrio harveyi</i>
	<i>Vibrio mimicus</i>

<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	<i>Phoma exigua</i>
<i>Vibrio splendidus</i>	<i>Pneumocystis jiroveci</i>
<i>Yersinia enterocolitica</i>	Microsporidia
<i>Yersinia pseudotuberculosis</i>	<i>Encephalitozoon</i>
Spirochaetes	<i>Enterocytozoon bieneusi</i>
<i>Borrelia burgdorferi</i>	<i>Nosema</i>
<i>Borrelia mazzottii</i>	<i>Pleistophora</i>
<i>Borrelia recurrentis</i>	<i>Trachipleistophora</i>
<i>Leptospira alexanderi</i>	<i>Vittaforma</i>
<i>Leptospira borgpetersenii</i>	Protista
<i>Leptospira interrogans</i>	Alveolata
<i>Leptospira kirschneri</i>	<i>Akashiwo sanguinea</i>
<i>Leptospira noguchii</i>	<i>Amphidinium carterae</i>
<i>Leptospira santarosai</i>	<i>Amphidinium</i> spp.
<i>Leptospira weilii</i>	<i>Coolia monotis</i>
Fungi	<i>Dinophysis acuminata</i>
Ascomycota	<i>Dinophysis caudata</i>
<i>Alternaria</i> sp.	<i>Dinophysis</i> spp.
<i>Aspergillus flavus</i>	<i>Durinskia capensis</i>
<i>Aspergillus niger</i>	<i>Plagiodinium belizeanum</i>
<i>Aspergillus</i> sp.	<i>Prorocentrum cf concavum</i>
<i>Aureobasidium pullulans</i>	<i>Prorocentrum cf foraminosum</i>
<i>Blastomyces dermatitidis</i>	<i>Prorocentrum cf sipadanensis</i>
<i>Candida glabrata</i>	<i>Prorocentrum hoffmanianum</i>
<i>Candida kefyr</i>	<i>Prorocentrum lima</i>
<i>Candida krusei</i>	<i>Prorocentrum mexicanum</i>
<i>Candida robusta</i> (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>)	<i>Prorocentrum minimum</i>
<i>Coccidioides immitis</i>	<i>Prorocentrum rhathymum</i>
<i>Coccidioides posadasii</i>	<i>Prorocentrum sculptile</i>
<i>Colletotrichum</i> sp.	<i>Prorocentrum</i> spp.
<i>Fusarium graminearum</i>	<i>Pyrodinium bahamense var. compressum</i>
<i>Fusarium oxysporum</i>	<i>Scrippsiella trochoidea</i>
<i>Histoplasma capsulatum</i>	<i>Sinophysis microcephala</i>
<i>Lacazia loboi</i>	Amoebozoa
<i>Paracoccidioides brasiliensis</i>	<i>Acanthamoeba castellanii</i>
<i>Penicillium digitatum</i>	<i>Acanthamoeba culbertsoni</i>
<i>Penicillium italicum</i>	<i>Acanthamoeba polyphaga</i>
<i>Penicillium variable</i>	<i>Entamoeba histolytica</i>
	Apicomplexa

<i>Cryptosporidium parvum</i>	<i>Herpes virus</i>
<i>Cyclospora cayetanensis</i>	<i>Papilomavirus</i>
<i>Cystoisospora belli</i>	<i>Polyomavirus</i>
<i>Toxoplasma gondii</i>	<i>Varicela zoster</i>
Bacillariophyta	<i>Viruela (Orthopoxvirus)</i>
<i>Nitzschia longissima</i>	II (Virus ADN monocatenario)
<i>Nitzschia reversa</i>	<i>Parvovirus (Erythroparvovirus)</i>
Ciliophora	III (Virus ARN bicatenario)
<i>Balantidium coli</i>	<i>Orthoreovirus</i>
Dinoflagellata	<i>Rotavirus (grupos A-C)</i>
<i>Alexandrium catenella</i>	IV (Virus ARN monocatenario positivo)
<i>Alexandrium minutum</i>	<i>Alphavirus (arboviruses group A)</i>
<i>Alexandrium spp.</i>	<i>Chikungunya virus</i>
<i>Bysmatrum caponii</i>	<i>Coxsackievirus</i>
<i>Gambierdiscus caribaeus</i>	<i>flavivirus</i>
<i>Gambierdiscus toxicus</i>	<i>Human astrovirus-1 (Astrovirus)</i>
<i>Gonyaulax polygramma</i>	<i>Human echovirus 30</i>
<i>Gymnodinium catenatum</i>	<i>Human Rhinovirus (A y B)</i>
<i>Heterocapsa circularisquama</i>	<i>Human SARS coronavirus</i>
<i>Karenia brevis</i>	<i>Norovirus</i>
<i>Ostreopsis heptagona</i>	<i>Poliovirus</i>
Euglenozoa	<i>Rubeola (Rubivirus)</i>
<i>Trypanosoma cruzi</i>	<i>Sapovirus</i>
Metamonada	<i>Togavirus (arvovirus)</i>
<i>Giardia intestinalis</i>	<i>Virus de la hepatitis A</i>
<i>Giardia lamblia</i>	<i>Virus de la hepatitis C</i>
Percolozoa	<i>Virus de la hepatitis E</i>
<i>Naegleria fowleri</i>	V (Virus ARN monocatenario negativo)
Stramenopiles	<i>Filovirus</i>
<i>Chaetoceros spp.</i>	<i>Filovirus Ebola</i>
<i>Cylindrotheca closterium</i>	<i>Filovirus Marburg</i>
<i>Heterosigma akashiwo</i>	<i>Hantavirus</i>
<i>Pseudonitzschia calliantha</i>	<i>Human Parainfluenza virus (t. 1, 2, 3, 4)</i>
<i>Pseudonitzschia cuspidata</i>	<i>Human Parainfluenza virus type 3</i>
<i>Pseudonitzschia pungens</i>	<i>Human Parainfluenzavirus type 2</i>
<i>Pseudonitzschia delicatissima</i>	<i>Human Parainfluenzavirus type 4</i>
Virus	<i>Junin virus (Arenavirus - Junin)</i>
I (Virus ADN bicatenario)	<i>Rabia (Lyssavirus)</i>
<i>Adenovirus</i>	<i>Rubulavirus</i>

<i>Sarampión (Morbillivirus)</i>	QepA
<i>Virus de la influenza</i>	QnrA
VI (Virus ARN monocatenario retrotranscrito)	QnrB
<i>Lentivirus</i>	QnrS
VII (Virus ADN bicatenario retrotranscrito)	TLA-1F/TLA-1R
<i>Virus de la hepatitis B</i>	VIM
Genes y misceláneos	Miscellaneous enterics
CTX-MF/CTX-MR	
GES	
IMP	
KPC	
NDM	

Tabla 5 Listado de agentes etiológicos de interés

Técnicas para detectar microorganismos – agentes etiológicos

Tradicionalmente las técnicas para la identificación de agentes etiológicos son: la observación microscópica, ya sea observación directa sin tinción o con tinción (en el tejido infectado o sobre el patógeno), cultivos (hemocultivo, urocultivo, coprocultivo, etc.), técnicas inmunológicas (sueros preparados, detección de antígenos: ELISA, IFD, IFI, etc.), y sensibilidad in vitro a antibióticos; estas técnicas a pesar de ser pruebas sencillas, presentan la desventajas de un tiempo de respuesta superior a otros métodos como los moleculares (Rodríguez *et al.*, 2009).

En la actualidad la biología molecular ha tenido gran auge, debido a que las pruebas basadas en ella, presentan alta especificidad, sensibilidad, rapidez y la posibilidad de automatización. Dentro de estas se incluyen técnicas basadas en la hibridación del ADN (RFLPs, Squach Blot y la ARN de cadena doble), técnicas basadas en PCR (PCR, RT-PCR, PCR anidada, RAPDs, Inmuno-PCR, inmunomagnetic-PCR y PCR multiple), técnicas específicas para la identificación de microorganismos altamente emparentados (Rep-PCR, PCR-RFLP, AFLPs, DGGE, TGGE) y técnicas de última generación como PCR en tiempo real, microarreglos y secuenciación (Montiel & Guzmán, 1997; Rodríguez *et al.*, 2009).

Secuenciación masiva

La secuenciación es una técnica que permite conocer el orden de los nucleótidos en cadenas cortas de ADN (oligonucleótidos); esta técnica fue desarrollada en la década de los setenta, casi 15 años después del descubrimiento de la estructura de doble hélice del ADN. Existen dos métodos de secuenciación, la secuenciación química y la secuenciación enzimática, siendo esta última el método más usado hasta la fecha. Con el desarrollo de la tecnología, las técnicas de secuenciación evolucionaron, y en la actualidad existen métodos de secuenciación de tipo masivo denominados “métodos de secuenciación masiva de nueva tecnología” que permiten la obtención de grandes volúmenes de información en menor tiempo y a menor costo; el fundamento de algunos de estos métodos, es el mismo al de la secuenciación enzimática (Orellana, 2002; Petrosino *et al.*, 2009).

La capacidad de análisis de los métodos de secuenciación masiva, radica en la posibilidad de secuenciar como su nombre lo indica masivamente en forma paralela, superando el número de secuencias máximo que se obtienen en una corrida con los métodos clásicos. La pirosecuenciación fue el primero de estos métodos de secuenciación de nueva generación en salir al mercado, lo siguió el de Solexa que fue adquirida por Illumina, y desde 2005 a la fecha se han desarrollado otras tecnologías como SOLiD, Helicos, SMRT, Ion Torrent y Oxford Nanopore (Shokralla *et al.*, 2012).

Secuenciación masiva – plataforma Illumina

En el método de Illumina, se usan nucleótidos terminadores marcados con moléculas fluorescentes, al igual que el método de Sanger (secuenciación enzimática), pero la diferencia entre los métodos aparte del número de secuencias que se pueden obtener en cada corrida, es la posibilidad de eliminar la fluorescencia una vez obtenida la imagen, y desbloquear el carbono 3' para que pueda aceptar una nueva base y pueda continuar la reacción. El proceso de la secuenciación por Illumina incluye, la fragmentación del ADN y ligación de adaptadores, amplificación en una superficie sólida (*flow cell*) y posterior secuenciación. La longitud de las secuencias obtenidas por este método (hasta 300 pb) son menores a las de la pirosecuenciación, pero la capacidad de realizar secuencias en paralelo

es mucho mayor, hasta de 250 millones de secuencias (Morozova *et al.*, 2009; Shokralla *et al.*, 2012; Wu *et al.*, 2015).

Procesamiento de las secuencias

PEAR: este programa es de acceso libre (distribuido bajo la licencia Creative Commons). Se ejecuta en línea de comandos y sirve como fusionador de finales pareados rápido. Evalúa los posibles solapamientos de los extremos pareados, sin importar el tamaño de los fragmentos diana, e incluye una prueba estadística para minimizar los falsos positivos. (Zhang, J. *et al.*, 2014). Arroja la información en cuatro archivos en formato fastq: secuencias ensambladas, secuencias descartadas por calidad y las que no se lograron unir de R1 y R2.

Prinseq-Lite: herramienta de acceso libre. Se usa para hacer pre-procesamientos de los datos. Permite filtrar las secuencias bajo parámetros definidos (Schmieder & Edwards, 2011).

TagCleaner: permite hacer la remoción de los iniciadores y cebadores de las secuencias (Schmieder *et al.*, 2010).

FastQC: realiza comprobaciones de control de calidad sobre los datos de secuencias crudas procedentes de secuenciadores de alto rendimiento. Evalúa si estos presentan alguna anomalía que deba ser tomada en cuenta antes de realizar cualquier análisis adicional, que conlleve a conclusiones biológicas. La aplicación pertenece al proyecto de bioinformática del Instituto Babraham. (Babraham Institute, 2016).

One Codex

Es una plataforma en la que se comparan y clasifican las secuencias de las muestras de interés, con base en un conjunto de nucleótidos - “k-mer” - contra dos bases de datos de secuencias de referencia, una es la de NCBI (RefSeq, 8000 genomas) y la otra es de ellos (One Codex expandida, 40 000 genomas); estas bases contienen genomas bacterianos, de virus y hongos (genómica microbiana aplicada en el diagnóstico clínico, bioseguridad y alimentos). Como los k-mer no pertenecen únicamente a una especie o cepa,

la clasificación se hace por cercanía al ancestro común más próximo en un árbol filogenético, base con la cual se asigna el ID taxonómico (Minot *et al.*, 2015).

Índices de diversidad

Existen varios índices de diversidad que se han usado en el estudio de las comunidades bacterianas, entre ellos están el índice de diversidad de Shannon, el de equitatividad de Pielou y el de dominancia de Simpson.

El índice de Shannon (H), se puede definir como la relación entre el número de especies presentes y su abundancia relativa, su valor se puede encontrar entre cero cuando hay una única especie en la muestra, y un valor superior conocido como H_{\max} , cuando el número de individuos de las especies presentes tienen la misma abundancia (Moreno, 2001; Moseman *et al.* 2009).

El índice de equitatividad de Pielou, es derivado del índice de Shannon, y establece una relación entre la diversidad real calculada y el valor máximo de diversidad posible, por lo que su valor se puede encontrar entre cero y uno; valores cercanos a uno indican que todas las especies tienen la misma abundancia (Moreno, 2001).

El índice de dominancia de Simpson, al igual que Shannon, es una medida que toma en cuenta la riqueza de especies y su abundancia, los valores van de cero a uno; valores cercanos a uno indican que unas pocas especies predominan en las muestras (de Bello *et al.* 2016; Haegeman *et al.* 2014).

5 Materiales y Métodos

5.1 Equipos, Materiales y reactivos

- Geoposicionador
- Sonda multipárametro
- Bomba de succión y sistema de vacío para líquidos
- Congelador (-20 °C)
- Ultracongelador (-80 °C)
- Espectrofotómetro
- Fluorómetro
- Balanza analítica
- Equipo de electroforesis
- Fotodocumentador
- Centrifuga
- Baños termostatados

- Nucleador
- Tubos plástico con capacidad de 50 ml
- Recipientes de polietileno de baja densidad con capacidad de 1 litro
- Filtros de poro de 0.45 μm
- Nevera de campo y sistema refrigerante

- Método de extracción de ADN lisis *in situ* y absorción en sílice
- Kit para electroforesis
- Método de cuantificación por espectofotometría
- Método de cuantificación por fluorometría

5.2 Zona de muestreo

5.2.1 Costa marina – Agua y sedimento

1. Bajo de 10 (mar adentro)
2. Puerto de abrigo - mar
3. UMDI (Unidad Multidisciplinaria de Docencia e Investigación)
4. LANRESC punto 3
5. LANRESC punto 5
6. Este del muelle
7. Oeste del muelle
8. Desagüe de la granja camaronera

5.2.2 Ciénaga – Agua y sedimento

9. Puerto de abrigo – mirador
10. Puerto de abrigo – laguna
11. Cerca de la estación de gasolina
12. Cerca de la población (borde habitado)
13. Periferia al basurero
14. Ojo de agua - anidamiento de aves
15. Ojo de agua – La Carbonera
16. Ojo de agua - La Bocana
17. La Bocana entrada
18. La Bocana fondo medio
19. La Bocana fondo profundo



Figura 3 Zonas de muestreo en el noroeste de la península de Yucatán (Google Earth, 2016)

5.3 Muestreo y muestras

Las muestras se colectaron entre los meses de marzo a mayo y agosto de 2016. La extracción del ADN de las muestras, se realizó al día siguiente de cada una de las colectas. Se georreferenció cada punto de muestreo, y posteriormente en cada lugar se registraron las condiciones fisicoquímicas del agua con la sonda multiparamétrica (anexo 1 - pH, salinidad, oxígeno disuelto, conductividad, sólidos disueltos totales, potencial redox y temperatura).

Costa marina	Georreferenciación	Ciénaga	Georreferenciación
Bajo de 10	N 21°20'08,36" W 090°08'08,61"	Puerto de abrigo - mirador	N 21°09'30,4" W 090°02'42,4"
Puerto de abrigo - mar	N 21°09'34,0" W 090°02'54,0"	Puerto de abrigo - laguna	N 21°09'33,7" W 090°02'51,4"
UMDI	N 21°09'57,7" W 090°02'55,9"	Cerca de la estación de gasolina	N 21°09'46,8" W 090°01'52,2"
LANRESC punto 3	N 21°09'59,9" W 090°02'14,3"	Cerca de la población (borde habitado)	N 21°09'53,0" W 090°01'28,5"
LANRESC punto 5	N 21°09'57,8" W 090°02'31,4"	Periferia al Basurero	N 21°10'02,1" W 090°00'47,8"
Este del muelle	N 21°10'03,8" W 090°01'54,3"	Ojo de agua - anidamiento de aves	N 21°11'52,0" W 089°56'48,0"
Oeste del muelle	N 21°10'03,8" W 090°01'55,9"	Ojo de agua - La Carbonera	N 21°11'24,7" W 089°57'09,2"
Desagüe de la granja camaronera	N 21°11'54,2" W 089°57'09,2"	Ojo de agua - La Bocana	N 21°13'8.2554" W 089°53'45.095"
		La Bocana entrada	N 21°13'35" W 089°53'44"
		La Bocana fondo medio	N 21°13'15" W 089°52'58"
		La Bocana fondo profundo	N 21°13'08" W 089°52'54"

Tabla 6 Puntos de muestreo y coordenadas geográficas

5.3.1 Muestras de agua

La colecta se hizo en tres puntos de la columna de agua por lugar de muestreo, uno en superficie, otro en el nivel medio y el tercero a ras del sedimento. En cada punto de la columna se colectó un litro de agua, para un total de tres litros por punto de muestreo. Donde la altura de la columna era mínima, se llenaron los tres contenedores a la misma profundidad. Para

la colecta se emplearon recipientes de polietileno de baja densidad. Tras el muestreo, se dispusieron los contenedores en una nevera para su refrigeración. De igual forma, se colectaron muestras para analizar química y microbiológicamente la calidad del agua (anexo 2 y 3).

5.3.2 Muestras de sedimento

El sedimento colectado corresponde a la sección baja que colindaba con el lugar de la columna de agua muestreada. Para el muestreo se empleó un nucleador de un metro de longitud. La muestra se extrajo introduciendo el dispositivo a una profundidad de 20 cm en los lugares que tenían esta capacidad o superior; para los lugares más someros, se introdujo según las condiciones. Las muestras se depositaron en tubos de 50 ml. Tras el muestreo, se dispusieron los contenedores en una nevera para su refrigeración. Posteriormente se analizaron químicamente las muestras (anexo 4).

5.4 Tratamiento de las muestras

Las muestras de las diferentes partes de la columna de agua se mezclaron y se filtraron por medio de una membrana con tamaño de poro de 0.45 μm . El proceso se dio terminado por dos razones, una porque los filtros se saturaban y no era posible la circulación de más muestra por el sistema, o dos, porque se agotaba la muestra.

Los filtros con las muestras de agua, se mantuvieron en el congelador a $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$, para posteriormente hacer la extracción del ADN metagenómico.

5.4.1 Extracción de ADN

La extracción de ADN se realizó por diferentes métodos para poder establecer que procedimiento brindaba mejores tiempos de trabajo y rendimiento en la obtención del ADN. Los métodos empleados fueron: extracción fenol – cloroformo (Sambrook & Russell, 2006), extracción con kit ZR Soil Microbe DNA MiniPrep™ metodología seguida según el protocolo del fabricante, y extracción con el método lisis *in situ* y absorción en sílice establecida por el Dr. Rafael Antonio Rojas Herrera (Rojas *et al.*, 2008).

5.4.2 Visualización y cuantificación del ADN metagenómico

5.4.2.1. Gel de agarosa

Se realizó un gel de agarosa al 1 % para validar la presencia e integridad del ADN metagenómico.

5.4.2.2. Espectrofotómetro - Nanodrop

Se siguió el protocolo del fabricante para obtener la concentración de las muestras y la relación 260/280. Para la lectura se emplearon 2 µl de cada una de las muestras.

5.4.2.3. Fluorómetro

El protocolo del fabricante fue la guía para la cuantificación de las muestras. Para la lectura se empleó 1 µl de cada una de las muestras.

5.5 Secuenciación masiva

Se mandó secuenciar al LANGEBIO (Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad) como un servicio externo, la amplificación del gen ARNr 16S (cebadores empleados: 357F 5´CTCCTACGGGAGGCAGCAG3´ y CD (R) 5´CTTGTGCGGGCCCCGTCAATTC3´) y sus respectivas bibliotecas, al igual que la secuenciación masiva con el sistema MiSeq de Illumina en formato 2X300.

Las secuencias obtenidas de Illumina (*paired-end*) se unieron usando PEAR. Seguido a ello se hizo un filtro de calidad con Prinseq, tratando las secuencias con un valor de 20 en la escala de Phred. Por medio de TagCleaner se realizó la remoción de los cebadores y adaptadores, estos últimos predecidos en la misma plataforma. Para la asignación taxonómica de las lecturas, se cargaron y corrieron en la plataforma OneCodex, obteniendo los OTUs y las secuencias asignadas a cada uno, para cada muestra. Paralelamente se hizo la valoración de calidad de las lecturas con FastQC, tanto con las secuencias crudas como con las secuencias tras el proceso con TagCleaner.

6. Datos y resultados

6.1 Procesamiento del ADN

6.1.1. Método de extracción de ADN

Tras la extracción del ADN de las muestras por los tres métodos, se decidió no usar la metodología de fenol-cloroformo, ya que no se obtuvo visibilidad del ADN en el gel de agarosa al 1 %. Con las otras dos metodologías restantes se corrieron los geles, algunas muestras con poco reflejo de la cantidad de ADN metagenómico (figura 4 y anexo 5), mas se hizo evidente el método con el cual se trataría el resto de las muestras (lisis *in situ* y absorción en sílice).

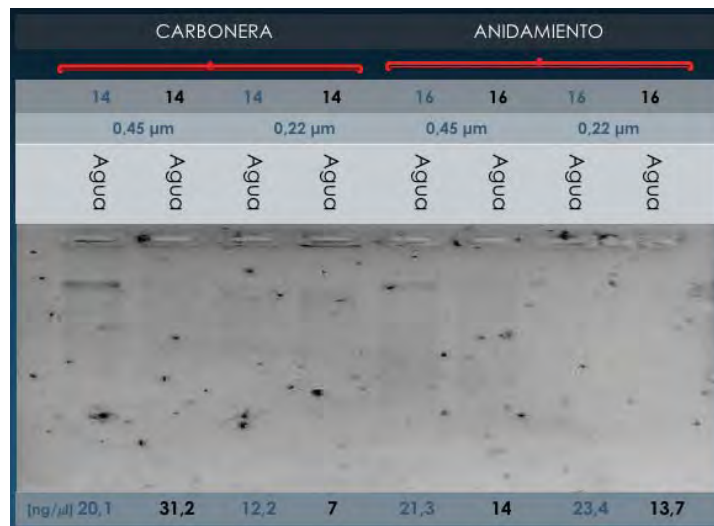


*Figura 4 Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico de las muestras de sedimento de los ojos de agua de La Carbonera y el anidamiento de aves, extraído por los métodos lisis *in situ* y absorción en sílice (muestra 13 y 15) y con kit (muestra 15) (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría)*

6.1.2. Selección del tamaño del poro de las membranas para filtrar

Por el tipo de dispositivos o columnas con el que trabaja el kit, no fue posible hacer la extracción y posterior comparación del ADN con los filtros de 0.22 μm, ya que estos vienen encapsulados y no es posible exponerlos para realizar el proceso requerido.

Se hizo la comparación de la cantidad de ADN obtenido del filtro abierto de 0.45 μm y el filtro cerrado de 0.22 μm con el método lisis *in situ* y absorción en sílice, y no se estableció un comportamiento claro de los métodos en cuanto a la lectura de la cuantificación y pureza del ADN (anexo 9), por lo que se decidió continuar con el dispositivo que facilitara el proceso de extracción (filtro abierto de 0.45 μm) (anexos 6 y 7).



*Figura 5 Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico de las muestras de agua de los ojos de agua de La Carbonera (muestra 14) y el anidamiento de aves (muestra 16), extraído por los métodos lisis *in situ* y absorción en sílice usando filtros de 0.45 μm y 0.22 μm (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría)*

6.1.3. Cuantificación de ADN

En busca de optimizar los resultados para las nuevas extracciones de ADN, se realizaron variaciones al protocolo de extracción lisis *in situ* y absorción en sílice (temperaturas y tiempos), pero no se presentaron incrementos en la cantidad de producto.

Las lecturas de las concentraciones de ADN de las extracciones preliminares (anexo 8) y las muestras enviadas al LANGEBIO para la secuenciación masiva (tabla 7), se realizaron tanto por fluorometría como por espectrofotometría.

Puntos de muestreo	Medio	Fluorómetro (ng/μl)	Nanodrop (ng/μl)	A 260/280	A 260/230
Ojo de agua - La Carbonera	Sedimento	11	298.3	1.07	-
	Agua	3.58	18.3	1.53	-
Ojo de agua - anidamiento de aves	Sedimento	2.02	23	1.78	0.45
	Agua	2.07	22.9	2.04	0.36
Bajo de 10	Agua	13	34.4	1.7	-
	Sedimento	8.2	81.7	1.21	-
UMDI	Agua	9.7	41.2	1.84	0.75
	Sedimento	19	53.4	1.88	0.64
Puerto de abrigo - mar	Agua	20	72.6	1.56	0.77
	Sedimento	30	54.8	1.68	0.76
Puerto de abrigo - mirador	Agua	19	36.4	1.74	0.7
	Sedimento	14	57.2	1.47	0.63
Puerto de abrigo - laguna	Agua	21	36.8	1.73	0.62
	Sedimento	9.3	74.2	1.44	0.53
LANRESC punto 5	Agua	27	52.3	1.56	-
	Sedimento	8.6	36.7	1.72	0.79
LANRESC punto 3	Agua	15	37.1	1.47	-
	Sedimento	9.9	34	1.74	0.85
Oeste del muelle	Agua	7.9	38.2	1.8	0.68
	Sedimento	12	81.8	1.84	0.69
Este del muelle	Agua	13	70.2	1.87	0.61
	Sedimento	12	14.5	1.82	0.65
Cerca de la población (borde habitado)	Agua	29	59.7	1.6	0.61
	Sedimento	11	114.9	1.31	-
Cerca de la estación de gasolina	Agua	29	43.4	0.37	1.7
	Sedimento	13	47	0.61	1.5
Desagüe granja camaronera	Agua	20	116.8	1.93	1.09
	Sedimento	11	159.9	1.36	-
Periferia al basurero	Agua	11	26.3	1.45	-
	Sedimento	9.5	229.4	1.36	0.67
Ojo de agua - La Bocana	Sedimento	9.2	108.9	1.16	-
	Agua	0.419	15.3	1.36	0.26
La Bocana Entrada	Sedimento	16	48.5	1.45	0.57
	Agua	19	38.4	1.63	-
La Bocana fondo medio	Sedimento	11	36.1	1.49	0.51
	Agua	9.1	27.3	1.46	0.47
La Bocana fondo profundo	Sedimento	0.998	24.3	1.42	0.41
	Agua	19	46.3	1.46	0.32

Tabla 7 Cuantificación y pureza del ADN de cada una de las muestras por fluorometría y espectofotometría

Se realizaron varias purificaciones del ADN para mejorar la relación 260/280, pero no se logró el valor esperado (anexo 9); tras esto, la pérdida del ADN durante el proceso en algunos casos dejaba concentraciones muy bajas (Wizard® Genomic DNA Purification Kit y Purificación con isopropanol). El método del glicógeno fue el que arrojó mejores resultados al purificar (figura 6).

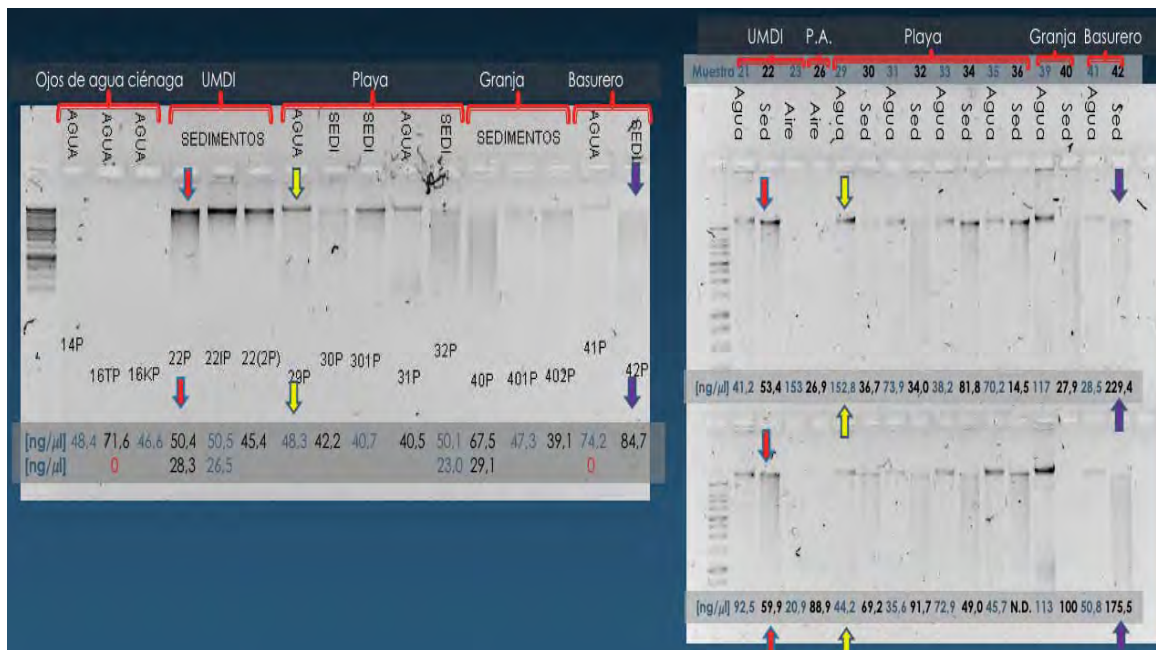


Figura 6 Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico purificado a la izquierda y sin purificación a la derecha. Los indicadores de colores (rojo – UMDI sedimento, amarillo – LANRESC punto 5 agua, y morado – Periferia basurero sedimento) muestran las variaciones en los gels y en las cuantificaciones de las muestras tras el proceso de purificación (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría)

6.2 Secuenciación masiva

Tras el informe y las secuencias entregadas por el LANGEBIO, los puntos de muestreo se redujeron de 19 en agua y sedimento, a 18 muestras secuenciadas de agua y 15 de sedimento, con un total de 7 407 007 lecturas.

Con la unión, filtro de calidad, limpieza y asignación taxonómica de las secuencias, se lograron clasificar 1 909 276 lecturas, de las cuales 1 112

644 son de las muestras de agua con 2694 OTUs, y 796 632 de las muestras de sedimento asociadas con 3230 OTUs. Los datos de cada punto se reportan en la tabla 8, organizados en forma descendente por el porcentaje de lecturas tras la unión.

Muestra		Lecturas iniciales	PEAR (unión)		Prinseq (filtro calidad) Phred 20		TagCleaner (limpieza)		One Codex Lecturas clasificadas
			Lecturas	%	Lecturas	%	Longitud		
LANRESC punto 5	A	189781	98343	51.82	77633	78.94	50-592	50-592	76765
Bajo de 10 (mar adentro)	A	74524	38382	51.50	30068	78.34	54-592	54-592	29922
Puerto de abrigo - laguna	A	277512	133585	48.14	111647	83.58	50-592	21-592	111031
Bajo de 10 (mar adentro)	S	278949	130775	46.88	115098	88.01	50-592	19-592	112624
LANRESC punto 3	A	73488	33849	46.06	27428	81.03	50-592	50-592	26904
Este del muelle	A	103156	46363	44.94	40328	86.98	53-592	53-592	39942
UMDI	A	245051	109817	44.81	89547	81.54	50-592	46-592	88799
Periferia al basurero	A	252244	107143	42.48	90666	84.62	51-592	27-592	89772
Cerca de la población (borde habitado)	A	338398	126171	37.28	107226	84.98	51-592	19-592	105783
Desagüe granja camaronera	A	190456	65900	34.60	52786	80.10	52-592	38-592	52451
La Bocana - fondo profundo	A	271789	90275	33.22	72296	80.08	51-592	51-592	70962
La Bocana - entrada	A	319900	106159	33.19	89767	84.56	50-592	47-592	87974
Puerto de abrigo - mirador	A	272568	84169	30.88	69881	83.02	50-592	50-592	68596
La Bocana - fondo medio	A	275241	83321	30.27	72539	87.06	52-592	52-592	71745
Cerca de la estación de gasolina	A	63363	18910	29.84	16700	88.31	53-592	53-592	16385
Puerto de abrigo - mar	A	344463	101633	29.50	81050	79.75	50-592	32-592	79761
Puerto de abrigo - mirador	S	157471	44910	28.52	42699	95.08	50-592	50-592	42057
Cerca de la estación de gasolina	S	312093	88192	28.26	81050	91.90	50-592	50-592	78368

Muestra		Lecturas iniciales	PEAR (unión)		Prinseq (filtro calidad) Phred 20		TagCleaner (limpieza)		One Codex Lecturas clasificadas
			Lecturas	%	Lecturas	%	Longitud		
Ojo de agua - anidamiento de aves	A	147427	40180	27.25	37394	93.07	53- 592	53- 592	36982
Ojo de agua - anidamiento de aves	S	250425	66162	26.42	58727	88.76	50- 592	27- 592	57488
Ojo de agua - La Carbonera	S	51813	13066	25.22	11203	85.74	50- 592	50- 592	10834
Puerto de abrigo - laguna	S	352586	87206	24.73	81026	92.91	50- 592	50- 592	79145
La Bocana - entrada	S	341940	83076	24.30	76911	92.58	50- 592	50- 592	65577
Ojo de agua - La Carbonera	A	289921	69888	24.11	58697	83.99	50- 592	50- 592	58068
LANRESC punto 5	S	185386	43035	23.21	38016	88.34	50- 592	46- 592	36025
Oeste del muelle	S	124546	27962	22.45	25638	91.69	50- 592	50- 592	24011
Cerca la población (borde habitado)	S	375133	83912	22.37	78258	93.26	50- 592	50- 592	74526
Puerto de abrigo - mar	S	339634	74992	22.08	67002	89.35	50- 592	50- 592	64860
UMDI	S	262798	56931	21.66	51294	90.10	50- 592	43- 592	48638
La Bocana - fondo profundo	S	392152	83615	21.32	69948	83.65	50- 592	26- 592	68653
LANRESC punto 3	S	75597	15262	20.19	14070	92.19	50- 592	50- 592	13062
La Bocana - fondo medio	S	167725	29517	17.60	25485	86.34	50- 592	22- 592	20764
Ojo de agua - La Bocana	A	9477	1108	11.69	986	88.99	57- 592	57- 592	802

Tabla 8 Lecturas iniciales de la plataforma Illumina, lecturas y porcentaje de lecturas tras la unión con PEAR, lecturas y porcentaje de lecturas tras el filtro de calidad con un Phred 20 en Prinseq, longitud de las lecturas antes y después del corte de los adaptadores y cebadores con TagCleaner y lecturas clasificadas en OneCodex en las muestras de sedimento (S) y agua (A)

Tras la evaluación de la calidad de las secuencias crudas y antes de la asignación, se reflejaron los siguientes cambios (tabla 9):

Costa			Bajo de 10			Puerto de abrigo - mar			UMDI			LANRESC punto 5			LANRESC punto 3			Este del muelle			Oeste del muelle			Desapue granja camarónera						
Muestras de agua																														
Calidad por Bases	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3			
Valor de calidad por secuencia																														
Contenido de CG por secuencia																														
Contenido de N por bases																														
Contenido de adaptador																														
Muestras de sedimento																														
Calidad por Bases	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Valor de calidad por secuencia																														
Contenido de CG por secuencia																														
Contenido de N por bases																														
Contenido de adaptador																														

Ciénaga			Puerto de abrigo - mirador			Puerto de abrigo - laguna			Cerca de la estación de gasolina			Cerca de la población (bordo habitado)			Periferia basurero			Ojo de agua - Anidamiento de aves			Ojo de agua - Carbonera			Ojo de agua - La Bocana			La Bocana - entrada			La Bocana - fondo medio			La Bocana - fondo profundo						
Muestras de agua																																							
Calidad por Bases	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3			
Valor de calidad por secuencia																																							
Contenido de CG por secuencia																																							
Contenido de N por bases																																							
Contenido de adaptador																																							
Muestras de sedimento																																							
Calidad por Bases	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Valor de calidad por secuencia																																							
Contenido de CG por secuencia																																							
Contenido de N por bases																																							
Contenido de adaptador																																							

1 - Forward o R1 2 - Reverse o R2 3 - Secuencias unidas o Join

■ Cumple con el criterio ■ Genera avisos ■ Presenta fallas ■ ND

Tabla 9 Calidad de las secuencias antes y después del tratamiento informático

6.2.1. Descripción de las muestras

La determinación del esfuerzo de muestreo se realizó por medio de la gráfica de rarefacción (figura 7), en la cual no se aprecian las asíntotas definidas. La disimilitud entre las muestras respecto a los OTUs, se estableció por medio de un algoritmo de agrupamiento (clúster) (figura 8), para el cual se usó un valor de rarificación de 29 992 lecturas; con este valor, tres muestras de agua (LANRESC punto 3, cerca de la estación de gasolina y ojo de agua La Bocana) y cuatro muestras de sedimento (oeste del muelle, La Bocana

fondo medio, LANRESC punto 3 y ojo de agua La Carbonera) no se incorporaron a la interpretación.

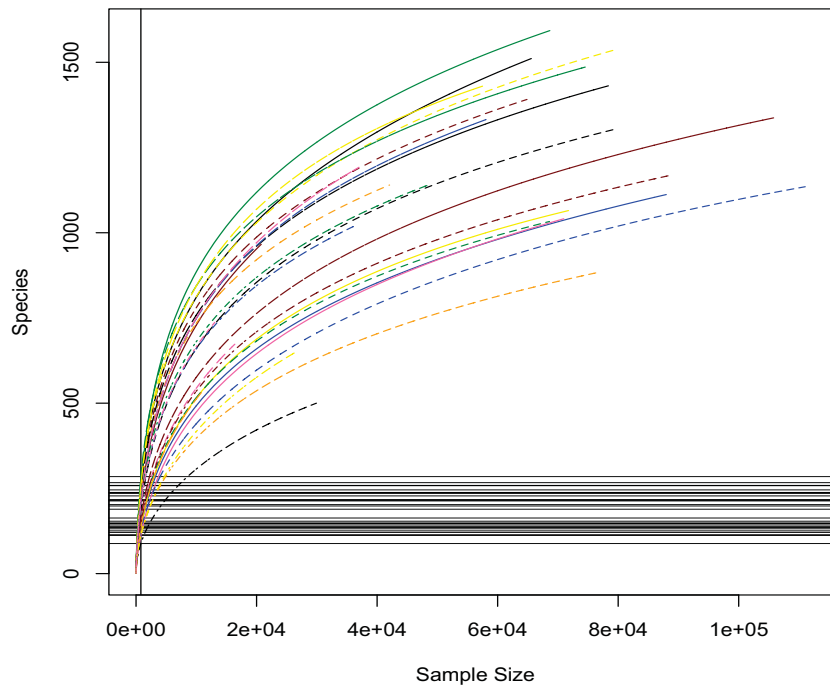


Figura 7 Curva de rarefacción de las muestras de agua y sedimento

En el dendograma de los OTUs (figura 8) se ve que las muestras forman dos grandes conjuntos: el del lado izquierdo donde se ubican todas las muestras de sedimento menos la de Bajo de 10 (recuadro beige), y se incorpora la muestra de agua de puerto de abrigo mar (junto a la muestra puerto de abrigo mar sedimento – elipse rosa), teniendo estas dos últimas una disimilitud alrededor de 0.42. Dentro de este grupo hay subconjuntos de ambientes con baja disimilitud, dos de ellos son el puerto de abrigo mirador y cerca de la estación de gasolina, seguida de cerca de la población borde habitado como parte de las muestras de la ciénaga (elipse café), y LANRESC punto 5 y UMDI como parte de la costa marina.

Al lado derecho del dendograma se posicionaron la muestra de Bajo de 10 sedimento y todas las muestras de agua (recuadro azul), menos la de puerto abrigo mar como ya se mencionó. El subgrupo con menor disimilitud de esta agrupación lo conformaron las muestras de costa marina con LANRESC punto 5 y este del muelle, seguido por la UMDI; En forma ascendente tres subgrupos de muestras de ciénaga con bajas disimilitudes (menores a 0.4), conformados por los ojos de agua del anidamiento de aves y La Carbonera,

La Bocana entrada y fondo medio; y puerto de abrigo mirador y cerca de la población, seguido por periferia al basurero (elipse café).

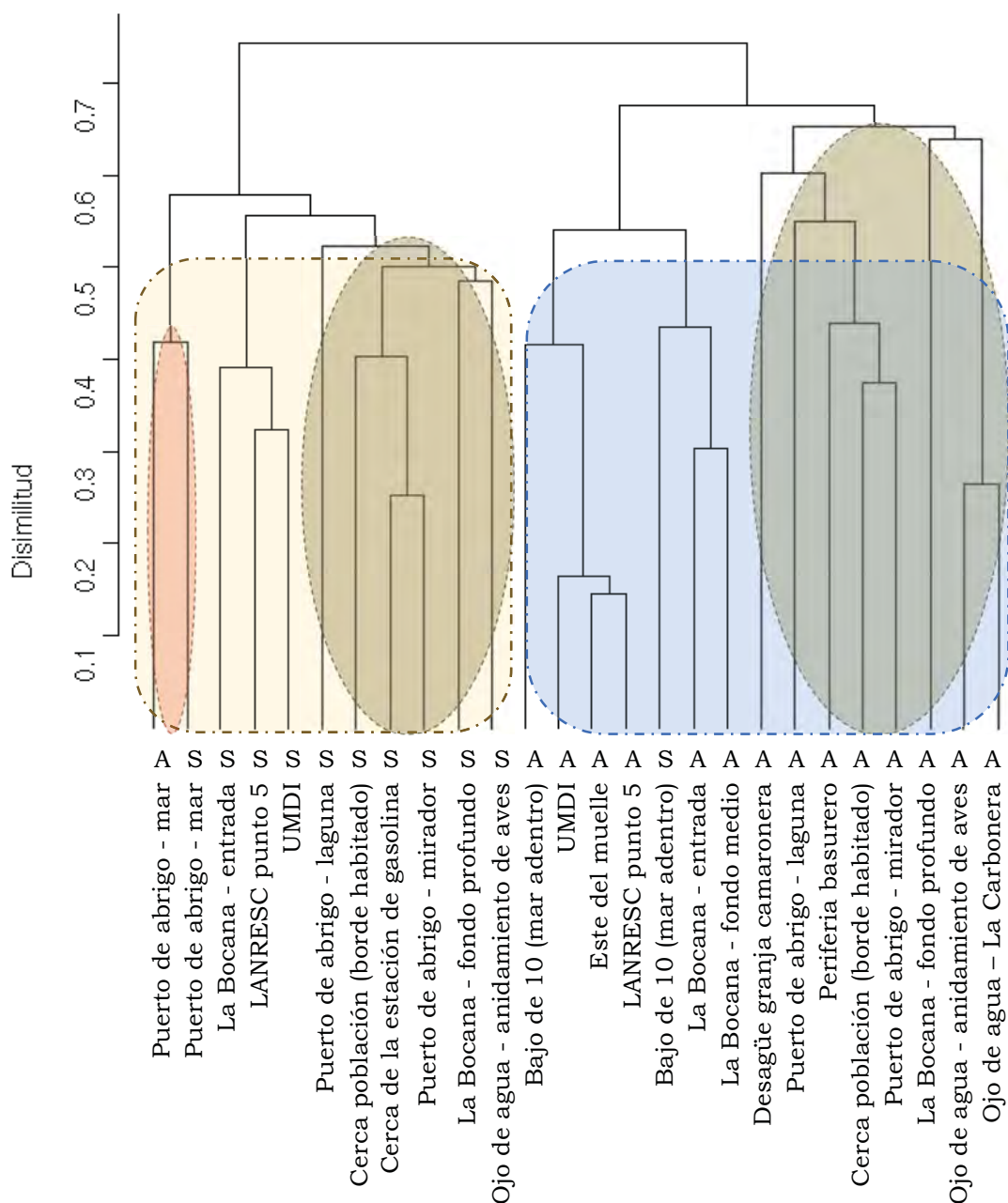


Figura 8 Dendrograma de OTUs de las muestras de agua (A) y sedimento (S) con rarificación a 29992 lecturas

Tras la rarificación de las muestras, se estableció la riqueza taxonómica de estas (figura 9). En el sedimento se encontró que la muestra con mayor cantidad de OTUs es La Bocana fondo profundo con 1276, seguido por ojo de agua anidamiento de aves, La Bocana entrada, puerto de abrigo laguna,

cerca de la población (borde habitado), puerto de abrigo mar, cerca de la estación de gasolina, puerto de abrigo mirador, UMDI, LANRESC punto 5 y por último Bajo de 10 (mar adentro) con 771 OTUs. Para las muestras de agua, el ordenamiento según los OTUs en forma descendente dejó a ojo de agua La Carbonera en primera posición (1112 OTUs), posteriormente a ojo de agua anidamiento de aves, puerto de abrigo mar, cerca de la población (borde habitado), UMDI, periferia al basurero, La Bocana fondo medio, puerto de abrigo mirador, La Bocana fondo profundo, La Bocana entrada, desagüe granja camaronera, puerto de abrigo laguna, este del muelle, LANRESC punto 5 y finalmente Bajo de 10 (500 OTUs).

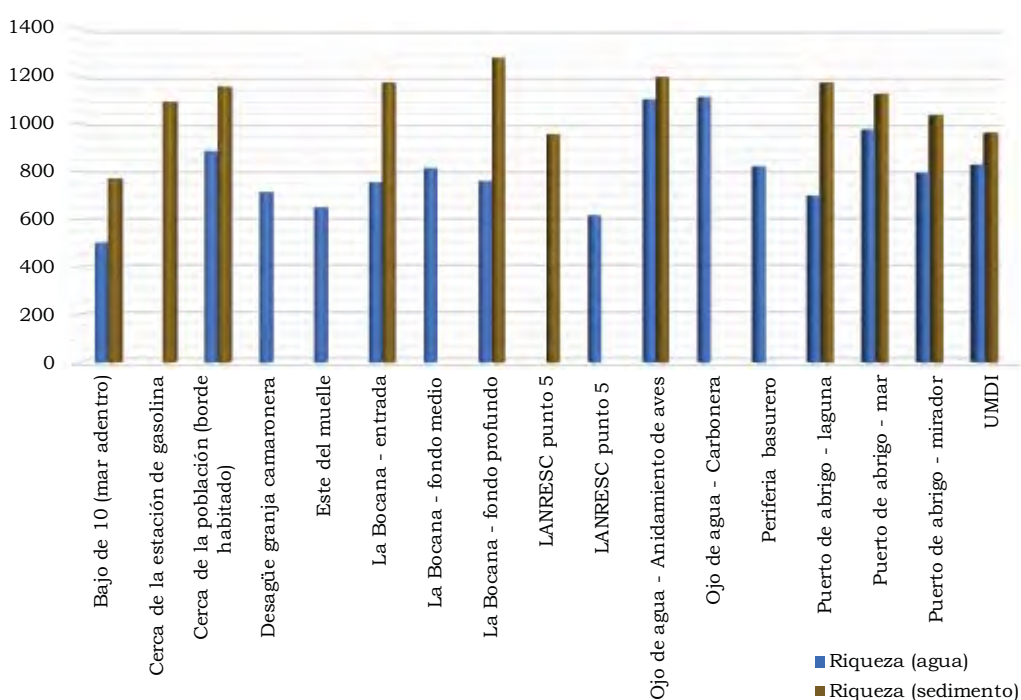


Figura 9 Riqueza específica de las muestras de agua y sedimento tras la rarificación

Al establecer la diversidad de cada muestra, se evidenció que, para los dos ambientes, los índices de Shannon calculados oscilaron entre 3.08 y 5.56 (figura 10). En cuanto a la equitatividad (Índice de Pielou), los valores estuvieron en un rango 0.62 y 0.79 para las muestras de sedimento, y para el agua entre 0.67 y 0.48 (figura 11). Todos los valores de dominancia calculados con el índice de Dominancia de Simpson tienen valores por abajo de 0.132 (figura 12).

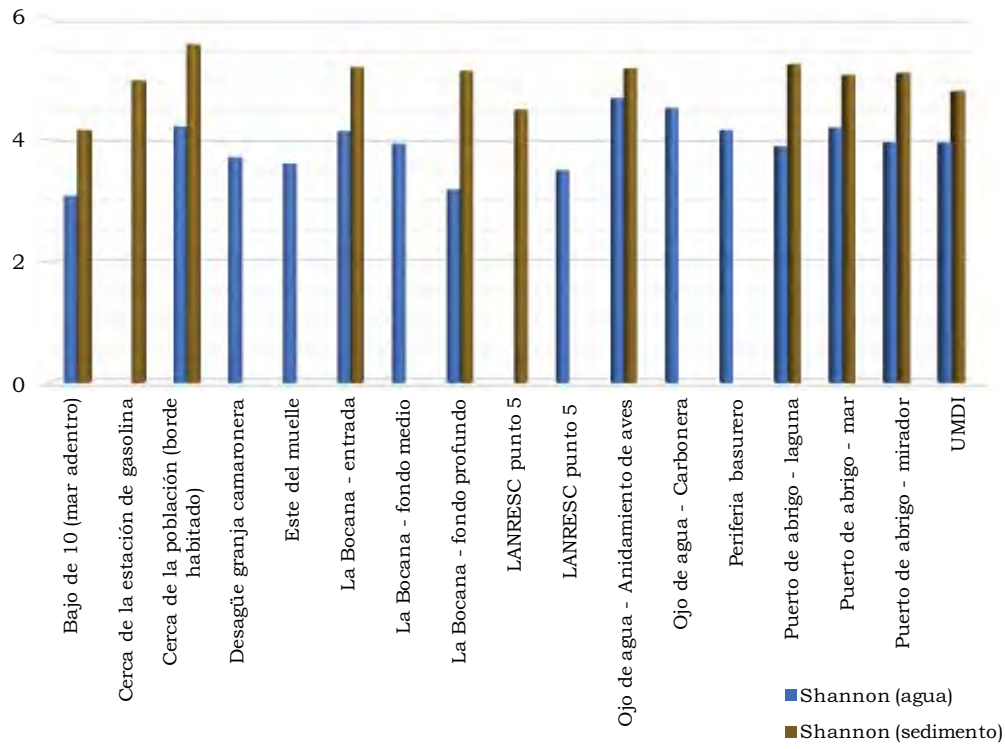


Figura 10 Índice de diversidad de Shannon de las muestras de agua y sedimento

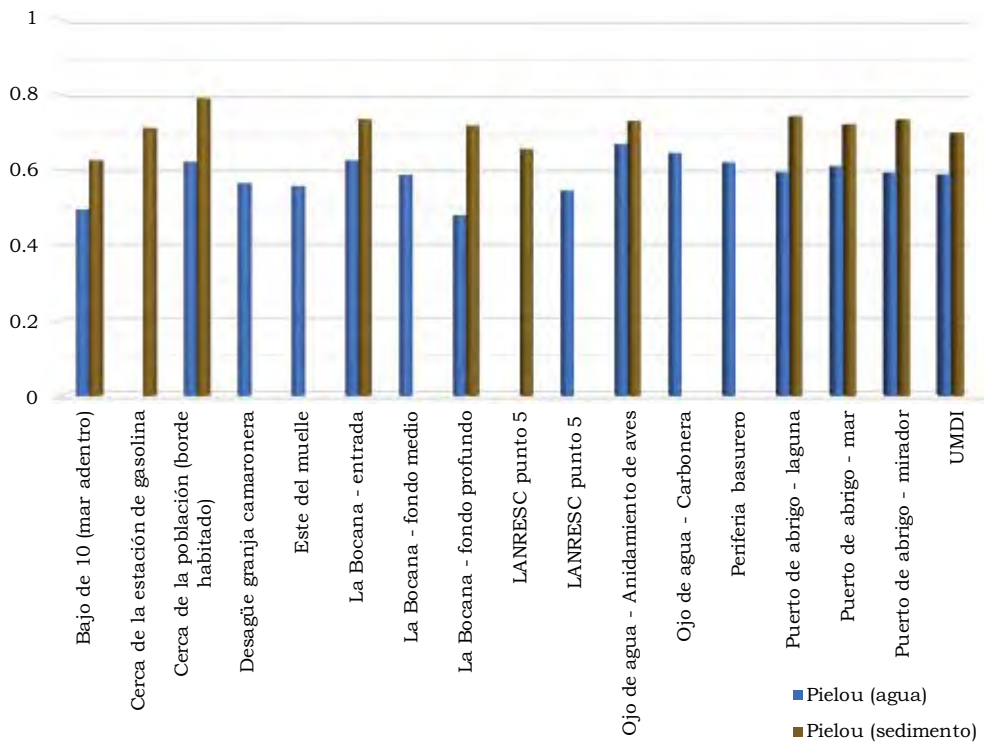


Figura 11 Índice de equitatividad de Pielou de las muestras de agua y sedimento

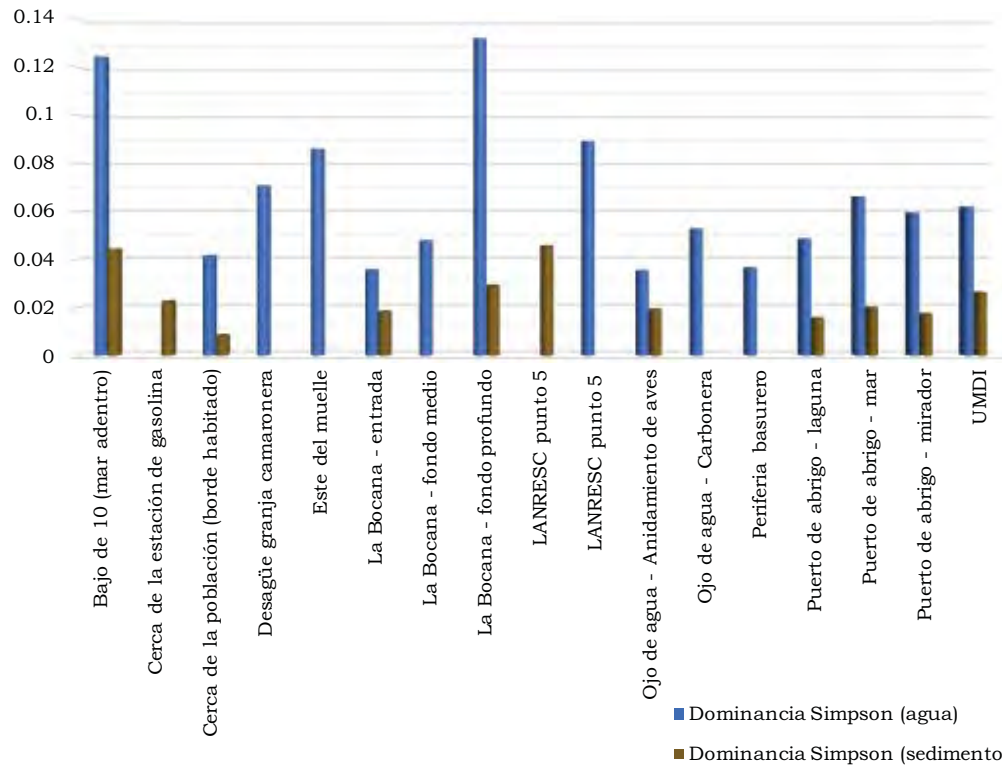


Figura 12 Índice de dominancia de Simpson de las muestras de agua y sedimento

Se integraron los índices calculados anteriormente por el medio muestreado (agua o sedimento), y posteriormente se organizaron de forma descendente entre las muestras de acuerdo a la equitatividad.

En el sedimento con 11 muestras analizadas (figura 13), el primer y último lugar en cada uno de los índices quedó representado respectivamente por: equitatividad, cerca de la población (borde habitado) y Bajo de 10; riqueza, La Bocana fondo profundo y Bajo de 10; diversidad, cerca de la población (borde habitado) y Bajo de 10; y dominancia, LANRESC punto 5 y cerca de la población (borde habitado).

El mismo ordenamiento en las 15 muestras de agua, mostro el primer y último lugar de cada ítem así: equitatividad, ojo de agua anidamiento de aves y La Bocana fondo profundo; riqueza, ojo de agua carbonera y Bajo de 10; diversidad, ojo de agua anidamiento de aves y Bajo de 10; dominancia, La Bocana fondo profundo y ojo de agua anidamiento de aves (figura 14).

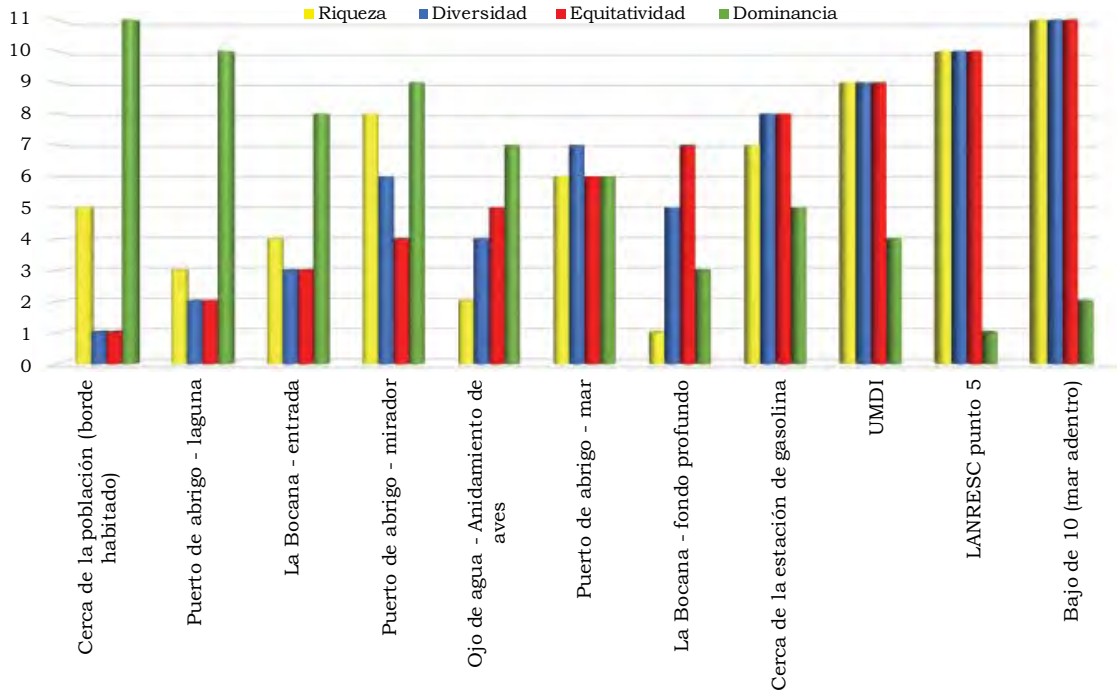


Figura 13 Comportamiento de los índices de riqueza, diversidad, equitatividad y dominancia en las muestras de sedimento

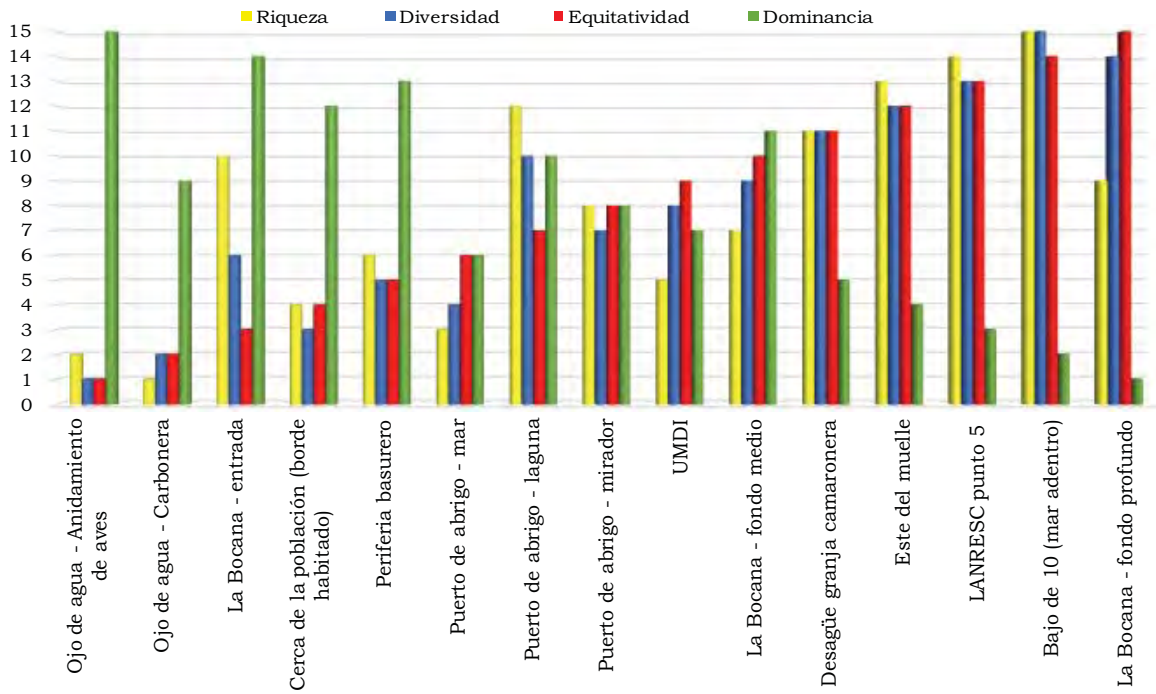


Figura 14 Comportamiento de los índices de riqueza, diversidad, equitatividad y dominancia en las muestras de agua

6.2.2. Géneros con potencial patógeno

Las lecturas de los géneros con potencial patógeno respecto a las secuencias de todos los géneros, representan un 11.25 % en el sedimento y 3.32 % en el agua. Tras la búsqueda en la literatura de los géneros a los que se les reporta una o más especies patógenas, se encontraron 26. En la figura 15 se relacionó la cantidad de géneros con este potencial, que están presentes en cada punto y en cada medio, siendo La Bocana entrada el punto que tiene la mayor cantidad de estos (18) y el ojo de agua La Bocana el menor, con 7 representantes (este punto solo cuenta con lecturas en agua).

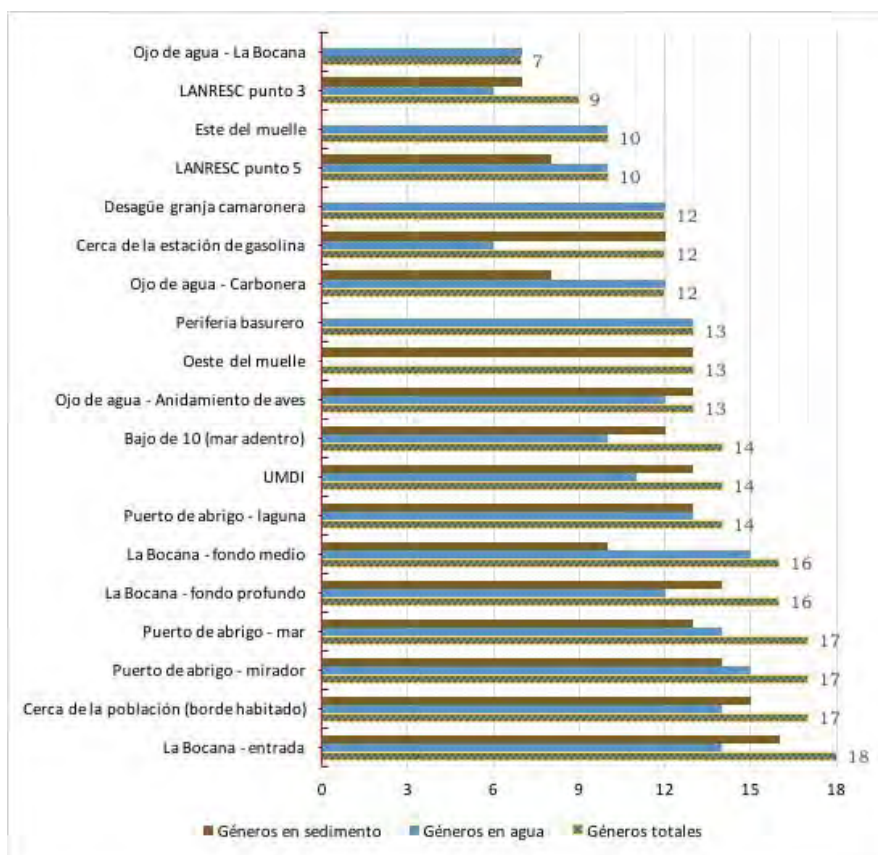


Figura 15 Cantidad de géneros con potencial patógeno presentes por punto de muestreo, en el sedimento y en el agua

La figura 16 relaciona cuantos puntos y en que medio se hizo presente cada género de interés, en ella se observa que *Campylobacter*, *Clostridium* y *Staphylococcus* están en todas las muestras secuenciadas, y que géneros como *Rickettsia*, *Escherichia*, *Enterococcus* y *Salmonella* se detectaron solo en agua, y *Coxiella*, *Klebsiella* y *Listeria* en sedimento.

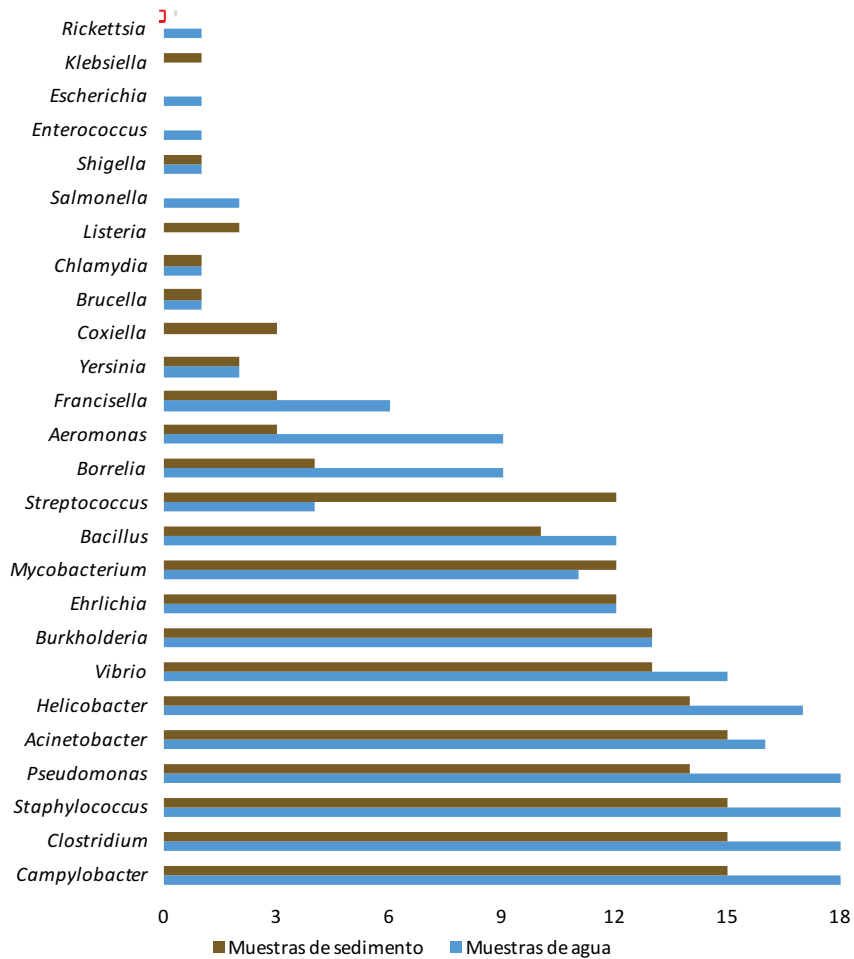


Figura 16 Cantidad de muestras en las que se detectaron cada uno de los géneros reportados con potencial patógeno en agua y sedimento

La abundancia relativa (número de lecturas asignadas a cada género, sobre el número de lecturas de los géneros de interés) respecto al total de las lecturas determinadas como géneros patógenos, se graficó por muestra para el sedimento y el agua (figura 17 y 18). De los 22 géneros detectados en sedimento, se vio que el 60 % se componen en su gran mayoría por cuatro géneros o menos a excepción de tres muestras (ojo de agua anidamiento de aves, La Bocana fondo profundo y La Bocana fondo medio). Los géneros que se detectaron en todas las muestras son: *Clostridium*, *Staphylococcus*, *Campylobacter* y *Acinetobacter*. En el agua, se detectaron 23 géneros de interés. Al igual que en el sedimento, se detectaron en todas las muestras *Clostridium*, *Staphylococcus* y *Campylobacter*, adicional a estos *Pseudomonas*; el resto de los géneros en forma aleatoria. Las muestras en general menos periferia al basurero, están compuestas hasta el 50 % de cuatro géneros o menos.

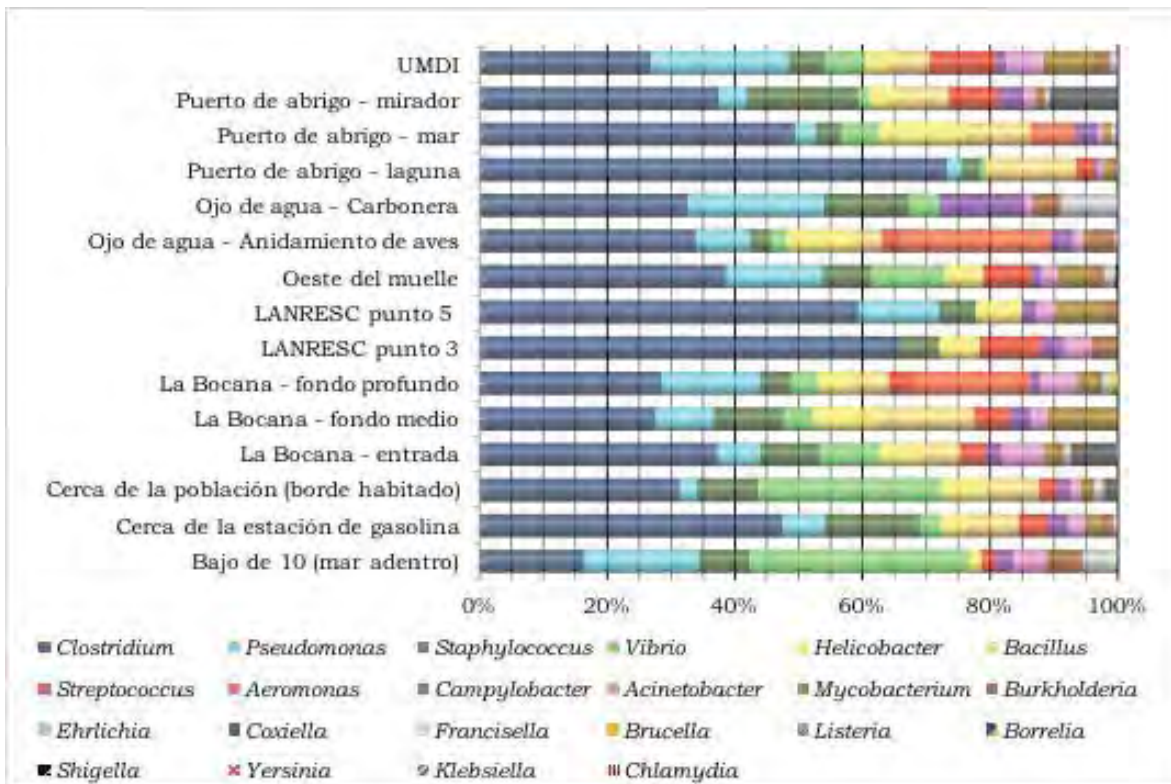


Figura 17 Composición de géneros con potencial patógeno en las muestras de sedimento

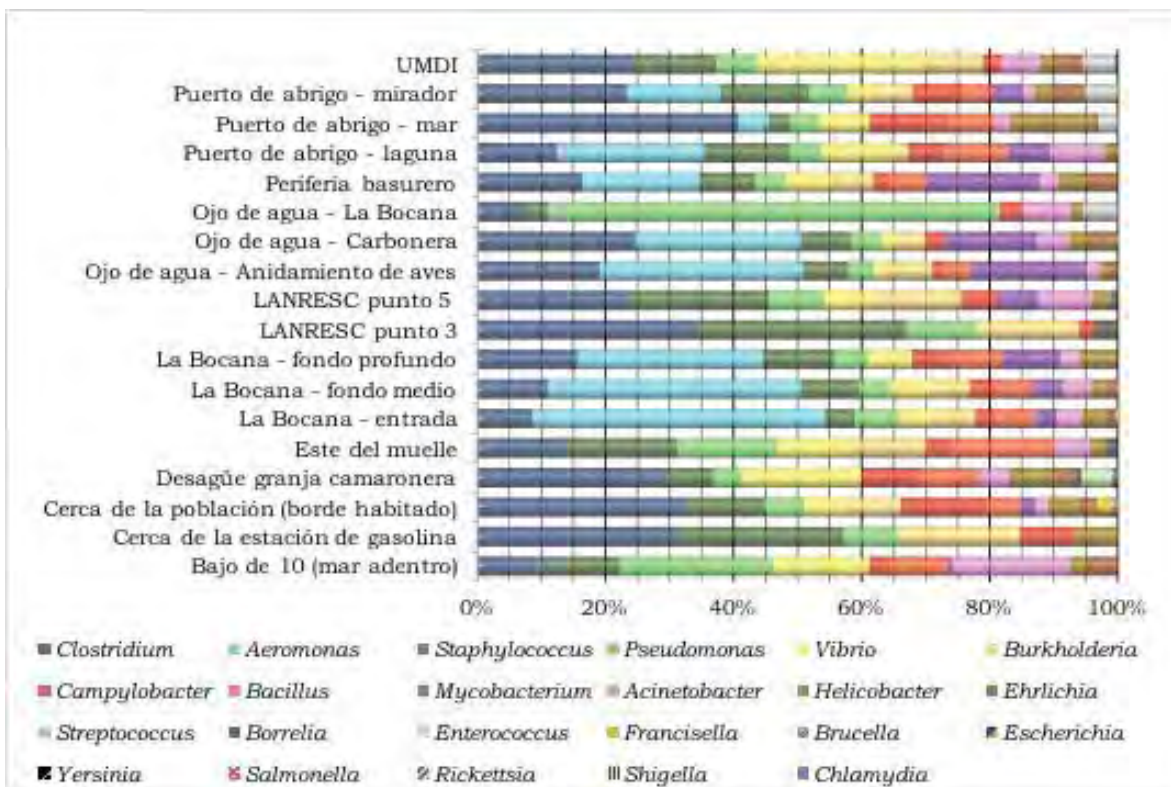


Figura 18 Composición de géneros con potencial patógeno en las muestras de agua

Los géneros patógenos respecto a todos los OTUs de las muestras secuenciadas tiene una abundancia relativa de 2.74 % en el sedimento y 1.14 % en el agua. Para ver con detalle la relación entre las muestras y los géneros detectados, se graficó la abundancia relativa de estos en por diez mil. Para visualizar mejor el comportamiento de las muestras, se redujo la abundancia de *Clostridium* (426 ‰) en el puerto de abrigo laguna en sedimento (figura 19), y el de *Pseudomonas* (474 ‰) en el agua, en la muestra de cerca de la población (borde habitado) (figura 20). Al organizar los géneros de forma descendente por la abundancia relativa, los dos ambientes comparten ocho de los 10 primeros géneros: *Pseudomonas*, *Clostridium*, *Aeromonas*, *Staphylococcus*, *Campylobacter*, *Acinetobacter*, *Vibrio* y *Helicobacter*.

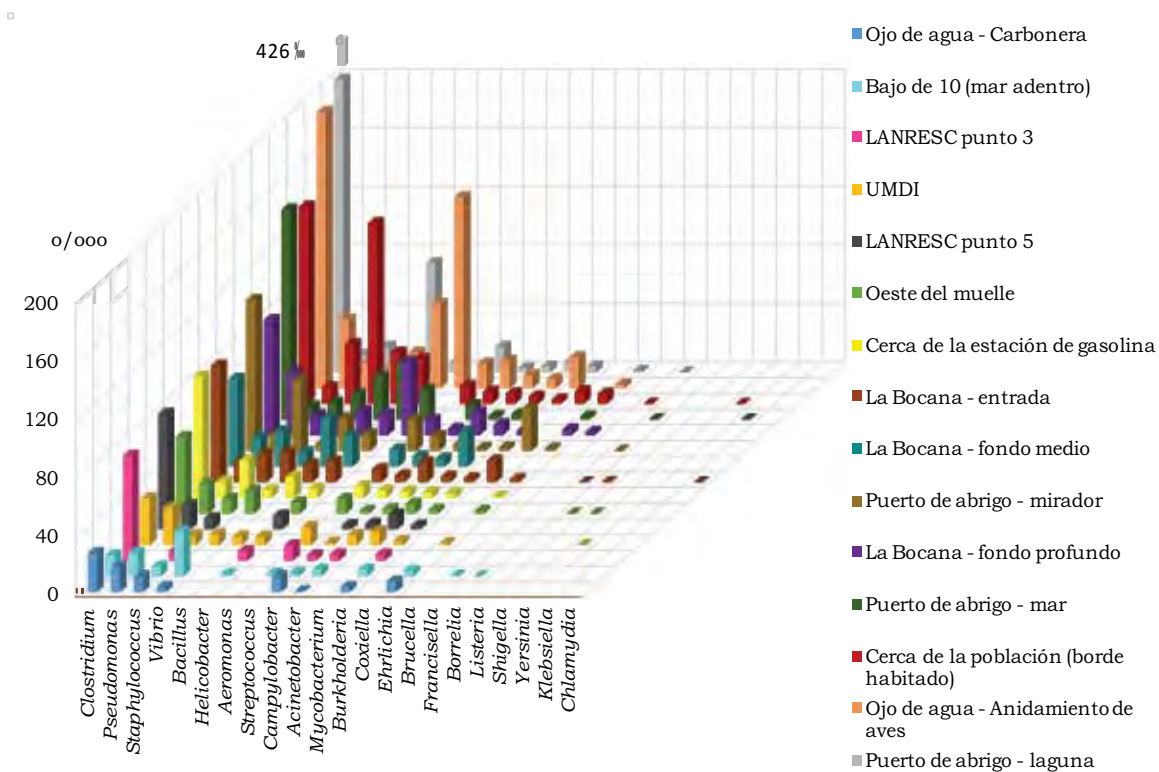


Figura 19 Por diez mil (‰) de lecturas de los 22 géneros con potencial patógeno en las muestras de sedimento

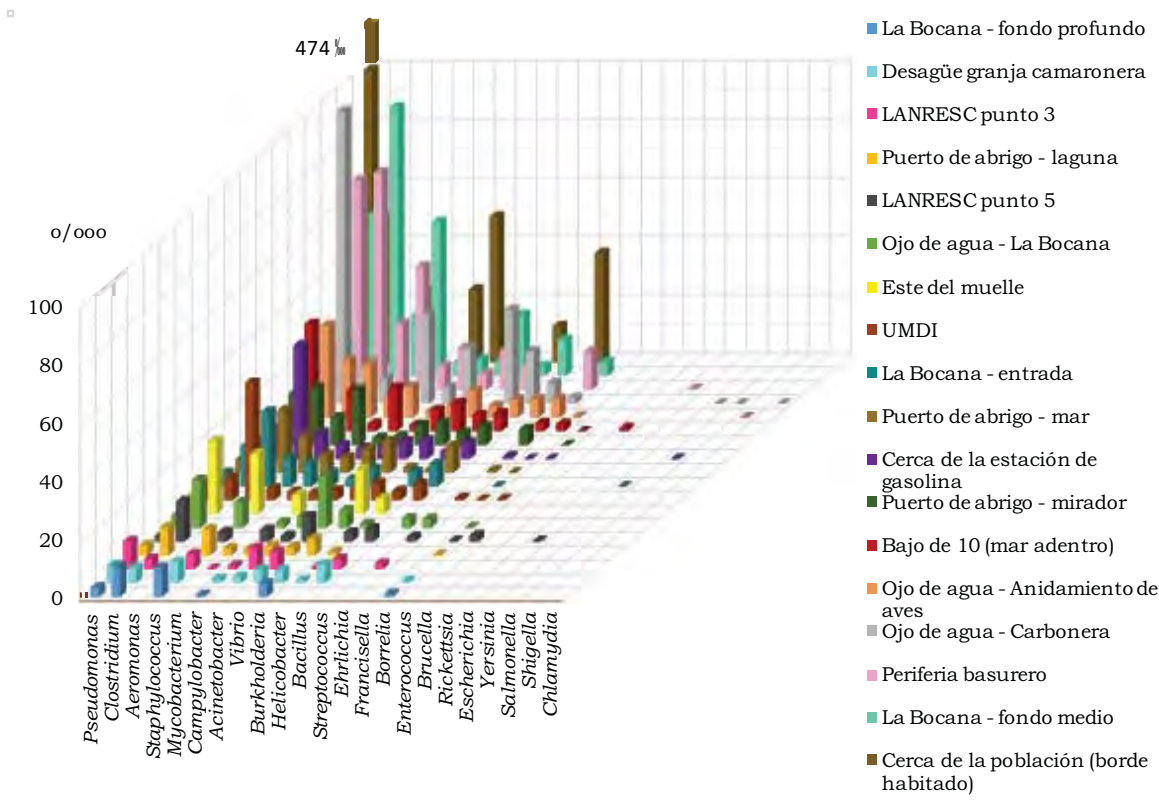


Figura 20 Por diez mil (o/ooo) de lecturas de los 23 géneros con potencial patógeno en las muestras de agua

En el dendograma de los géneros patógenos (figura 21) la muestra de ojo de agua La Bocana mostró la mayor disimilitud respecto a las demás muestras (elipse café), quedando fuera del conjunto y los subconjuntos que estas formaron. De las agrupaciones que se formaron con baja disimilitud (menores a 0.3), están las muestras de agua de ciénaga (parte izquierda de la gráfica – recuadro azul de mayor tamaño) conformadas por: La Bocana entrada, La Bocana fondo medio, La Bocana fondo profundo, puerto de abrigo laguna, puerto de abrigo mirador, periferia basurero, ojo de agua anidamiento de aves y ojo de agua La Carbonera. Otra agrupación que tuvo gran conglomeración de muestras y disimilitudes bajas (menores a 0.34), es la que está conformada por una muestra de agua y nueve muestras de agua y nueve muestras de sedimentación (2 muestras de costa marina y 7 de ciénaga – recuadro beige): cerca de la estación de gasolina, puerto de abrigo mirador, La Bocana entrada, oeste del muelle, La Bocana fondo medio, UMDI, puerto de abrigo mar (agua), puerto de abrigo mar (sedimento - elipse rosa), La Bocana fondo profundo y ojo de agua anidamiento de aves. En la mitad de los

subconjuntos descritos se encuentran diferentes agrupaciones por medio (agua o sedimento) y mezclas de estas.

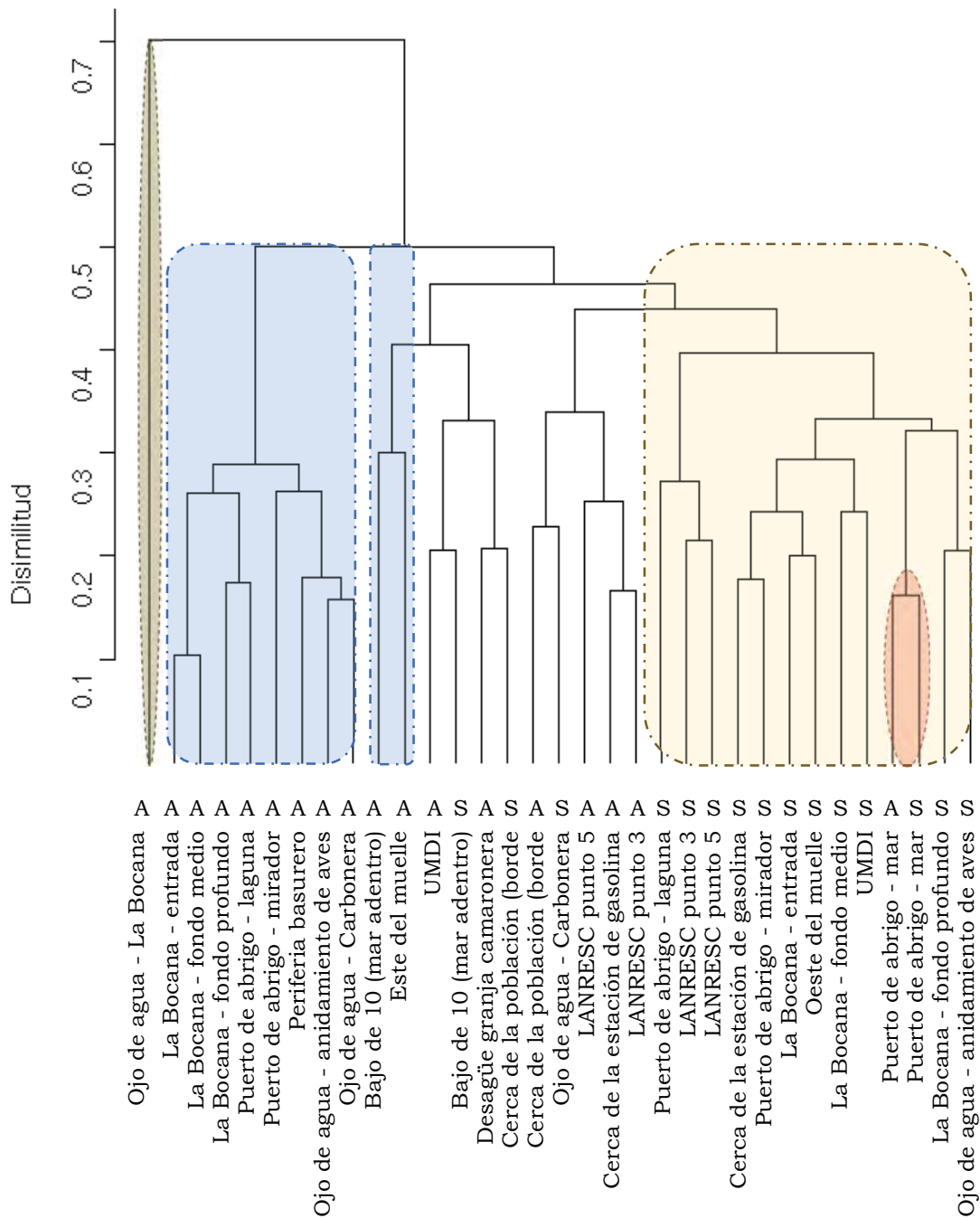


Figura 21 Dendrograma de abundancias relativas de géneros con potencial patógeno de las muestras de agua (A) y sedimento (S)

6.2.3. Agentes etiológicos de interés

La búsqueda puntual en todos los registros de la secuenciación masiva de las especies de interés del grupo de investigación, estableció la presencia de 65 especies dentro de las 33 muestras.

El número de secuencias asignadas por cada 10 000 lecturas (por diez mil), de las 65 especies de interés encontradas en cada uno de los puntos, tanto en sedimento como en agua, se reflejan en la tabla 10 en forma descendente, teniendo en la primera posición de las especies de interés el punto ojo de agua La Bocana en el agua y La Bocana fondo medio en el sedimento.

Agua (54 especies)	°/°°° especies patógenas	Sedimento (54 especies)	°/°°° especies patógenas
Ojo de agua - La Bocana	49.88	La Bocana - fondo medio	38.05
Ojo de agua - anidamiento de aves	23.25	LANRESC punto 3	26.03
Cerca de la estación de gasolina	23.19	Oeste del muelle	24.16
Ojo de agua - La Carbonera	17.91	Ojo de agua - La Carbonera	22.15
LANRESC punto 3	14.12	Ojo de agua - anidamiento de aves	19.83
Puerto de abrigo - mirador	12.39	La Bocana - entrada	19.37
Puerto de abrigo - mar	12.16	LANRESC punto 5	19.15
La Bocana - fondo profundo	11.84	Puerto de abrigo - mirador	18.31
Periferia al basurero	10.14	Cerca de la población (borde habitado)	17.71
Puerto de abrigo - laguna	10.09	La Bocana - fondo profundo	15.88
Este del muelle	9.76	Puerto de abrigo - laguna	15.54
UMDI	9.57	Puerto de abrigo - mar	14.96
La Bocana - fondo medio	9.48	UMDI	14.60
Cerca de la población (borde habitado)	9.45	Cerca de la estación de gasolina	11.87
Bajo de 10 (mar adentro)	8.69	Bajo de 10 (mar adentro)	7.72
LANRESC punto 5	8.60	Total lecturas	16.24
Desagüe granja camaronera	8.39		
La Bocana - entrada	7.96		
Total lecturas	11.12		

Tabla 10 Por diez mil (°/°°°) de lecturas encontradas de 65 especies de interés en sedimento y agua

La clasificación de las especies patógenas de interés identificó la presencia de 7 hongos (6 en sedimento y uno en agua) y 58 bacterias. De las 65 especies detectadas, 54 se determinaron en el sedimento (48 bacterias) y 54 en el agua (53 bacterias). La tabla 11 refleja las especies clasificadas taxonómicamente.

	S	A
Bacteria	48	53
Actinobacteria	6	5
Corynebacterium	1	1
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	1	1
Mycobacterium *	4	4
<i>Mycobacterium avium</i>	1	1
<i>Mycobacterium kansasii</i>	1	1
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	1	1
<i>Mycobacterium xenopi</i>	1	1
Tsukamurella	1	0
<i>Tsukamurella</i>	1	0
Alfaproteobacteria	2	2
Brucella *	0	1
<i>Brucella abortus</i>	0	1
Ehrlichia *	1	1
<i>Ehrlichia</i> spp.	1	1
Rhodobacter	1	0
<i>Rhodobacter sphaeroides</i>	1	0
Bacilli	6	5
Bacillus *	2	2
<i>Bacillus anthracis</i>	1	1
<i>Bacillus cereus</i>	1	1
Enterococcus *	1	1
<i>Enterococcus faecalis</i>	1	1
Listeria *	1	0
<i>Listeria monocytogenes</i>	1	0
Staphylococcus *	1	1
<i>Staphylococcus aureus</i>	1	1
Streptococcus *	1	1
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	1	1
Betaproteobacteria	3	5
Alcaligenes	0	1
<i>Alcaligenes</i>	0	1
Burkholderia *	2	3
<i>Burkholderia cepacia</i>	0	1
<i>Burkholderia mallei</i>	1	1
<i>Burkholderia pseudomallei</i>	1	1
Neisseria	1	1
<i>Neisseria meningitidis</i>	1	1
Chlamydiia	1	0
Chlamydia *	1	0
<i>Chlamydia psittaci</i>	1	0

	S	A
Clostridia	4	4
Clostridium *	4	4
<i>Clostridium botulinum</i>	1	1
<i>Clostridium perfringens</i>	1	1
<i>Clostridium tetani</i>	1	1
<i>Peptoclostridium difficile</i>	1	1
Cyanophyceae	1	2
Anabaena	1	1
<i>Anabaena</i> sp.	1	1
Microcystis	0	1
<i>Microcystis</i> sp.	0	1
Epsilonproteobacteria	4	4
Campylobacter *	3	3
<i>Campylobacter coli</i>	1	1
<i>Campylobacter fetus</i>	1	1
<i>Campylobacter jejuni</i>	1	1
Helicobacter *	1	1
<i>Helicobacter pylori</i>	1	1
Flavobacteriia	1	1
Chryseobacterium	1	1
<i>Elizabethkingia meningoseptica</i>	1	1
Gammaproteobacteria	19	24
Acinetobacter *	2	2
<i>Acinetobacter baumannii</i>	1	1
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	1	1
Aeromonas *	3	2
<i>Aeromonas hydrophila</i>	1	1
<i>Aeromonas schubertii</i>	1	0
<i>Aeromonas veronii</i>	1	1
Coxiella *	1	1
<i>Coxiella burnetii</i>	1	1
Francisella *	0	1
<i>Francisella tularensis</i>	0	1
Grimontia	1	1
<i>Grimontia hollisae</i>	1	1
Haemophilus	0	1
<i>Haemophilus influenzae</i>	0	1
Klebsiella *	1	1
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	1	1
Legionella	1	1
<i>Legionella pneumophila</i>	1	1

	S	A
Photobacterium	1	1
<i>Photobacterium damselae</i>	1	1
Pseudomonas *	1	1
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1	1
Salmonella *	0	1
<i>Salmonella enterica serovar Typhi</i>	0	1
Shigella *	1	1
<i>Shigella</i> spp.	1	1
Stenotrophomonas	1	1
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	1	1
Vibrio *	6	8
<i>Vibrio alginolyticus</i>	0	1
<i>Vibrio cholerae</i>	1	1
<i>Vibrio cincinnatiensis</i>	0	1
<i>Vibrio furnissii</i>	1	1
<i>Vibrio mimicus</i>	1	1
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	1	1
<i>Vibrio splendidus</i>	1	1
<i>Vibrio vulnificus</i>	1	1
Yersinia *	0	1

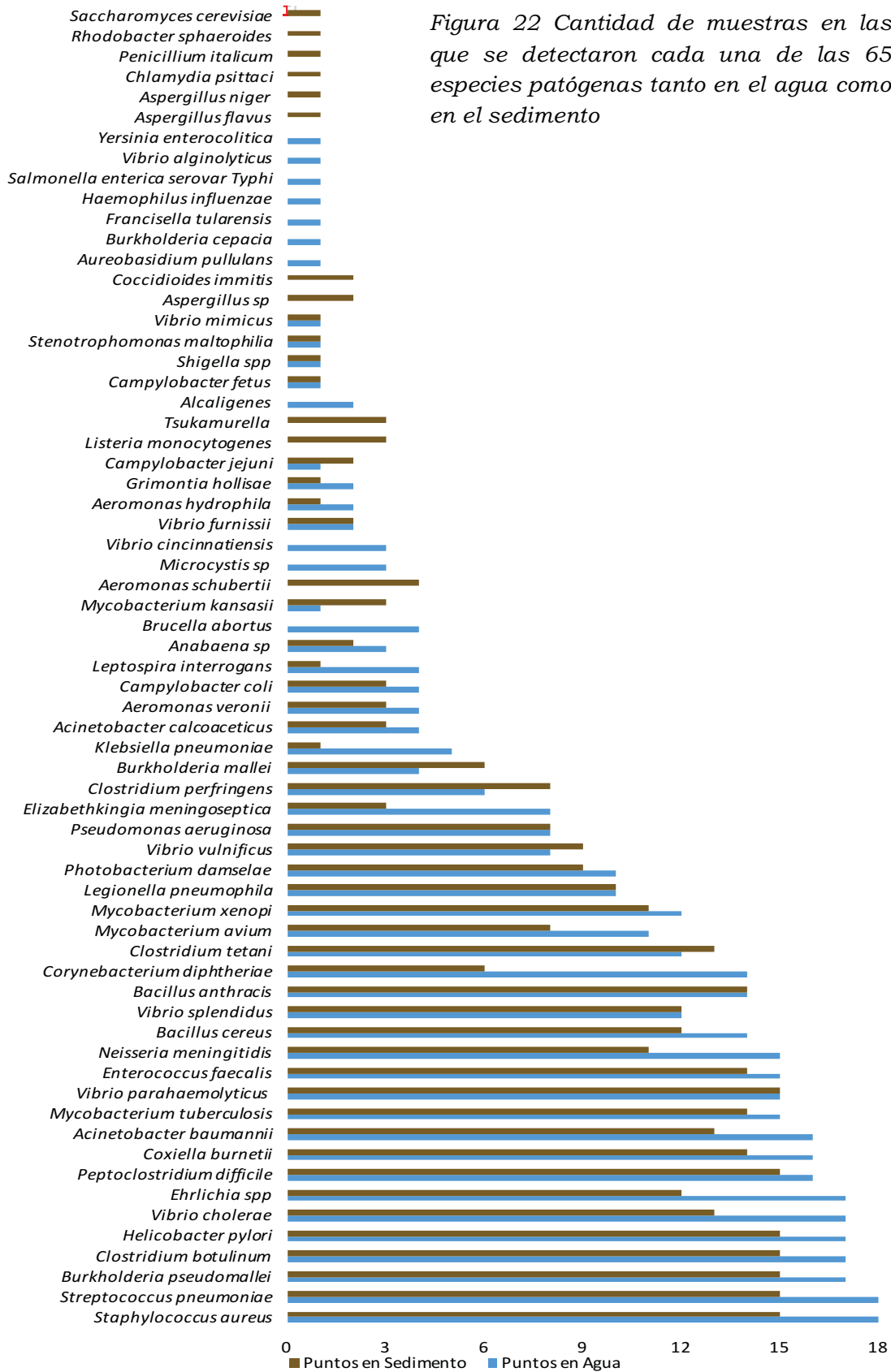
	S	A
<i>Yersinia enterocolitica</i>	0	1
Spirochaetia	1	1
Leptospira	1	1
<i>Leptospira interrogans</i>	1	1
Fungi	6	1
Dothideomycetes	0	1
Aureobasidium	0	1
<i>Aureobasidium pullulans</i>	0	1
Eurotiomycetes	5	0
Aspergillus	3	0
<i>Aspergillus flavus</i>	1	0
<i>Aspergillus niger</i>	1	0
<i>Aspergillus</i> sp.	1	0
Coccidioides	1	0
<i>Coccidioides immitis</i>	1	0
Penicillium	1	0
<i>Penicillium italicum</i>	1	0
Saccharomycetes	1	0
Saccharomyces	1	0
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	1	0
Total general	54	54

*Géneros reportados en la literatura como potencialmente patógenos

Tabla 11 Clasificación taxonómica de 65 especies patógenas indicando su presencia en las muestras de agua (A) y/o sedimento (S)

Las 65 especies patógenas se consolidaron gráficamente (figura 22 y 23) estableciendo dos relaciones; la primera, entre cada una de las 65 especies identificadas y la cantidad de veces que se encontraron en las muestras de agua (18 puntos) y sedimento (15 puntos); y la segunda, estableciendo la cantidad de especies presentes en cada muestra y por punto.

En algunos casos la presencia de los organismos de interés ocurrió tanto en el agua como en el sedimento subyacente, siendo solo recurrentes en todos los puntos *Staphylococcus aureus* y *Streptococcus pneumoniae*, mientras otros microorganismos sólo se detectaron en un ambiente, en algunos casos en un solo punto (figura 22).



De las 33 muestras analizadas, 18 muestras corresponden a agua y 15 a sedimento, lo cual da una línea de base de puntos exclusivos con microorganismos en un solo ambiente (agua: 4 especies en La Bocana ojo de agua, 21 en el este del muelle, 22 en desagüe granja camaronera y 27 en periferia al basurero; sedimento: 21 especies en oeste del muelle). Los puntos restantes presentan desde 23 especies hasta 40 (figura 23). La Bocana entrada es el punto de mayor variedad de especies, tanto como punto con 40 especies, como muestra de sedimento, con 38 de ellas. Para el agua es el puerto de abrigo laguna con 31 especies.

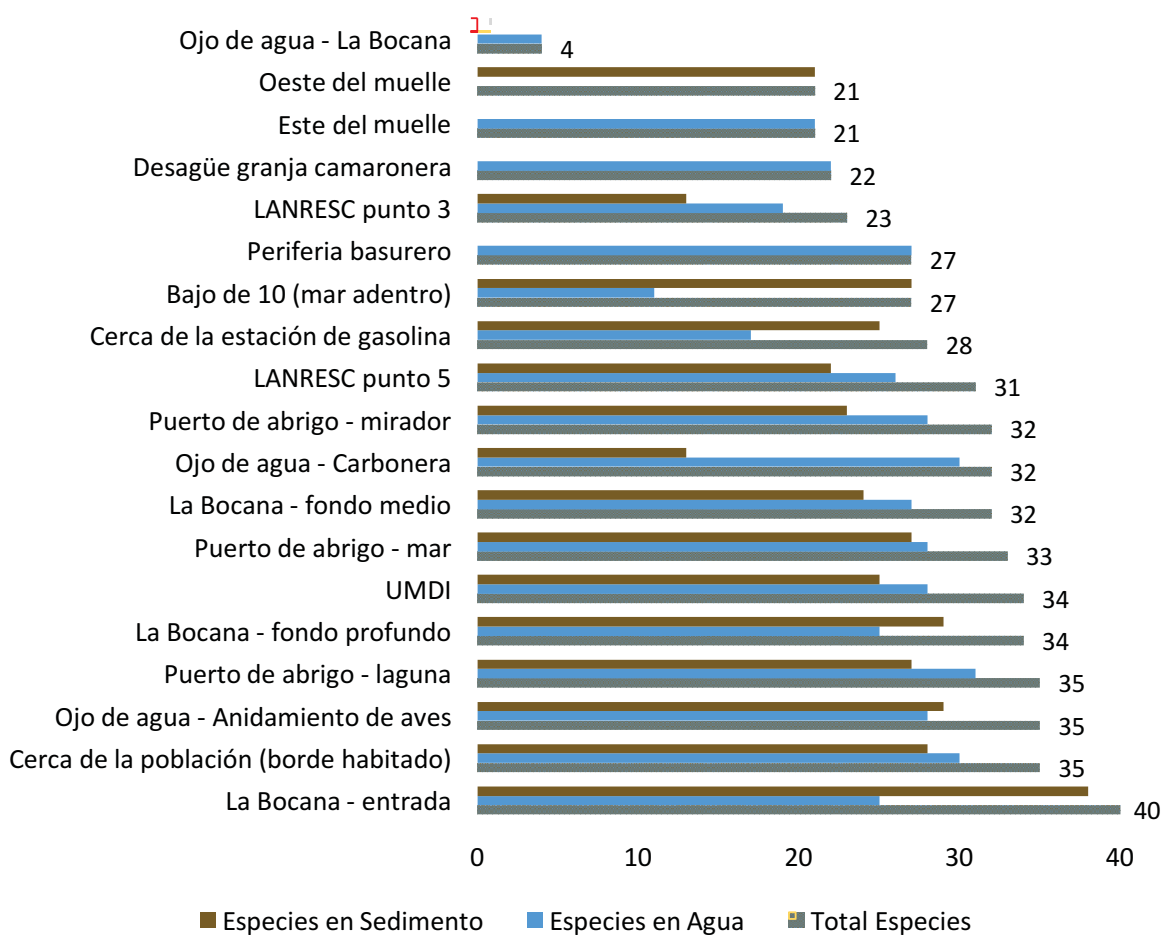
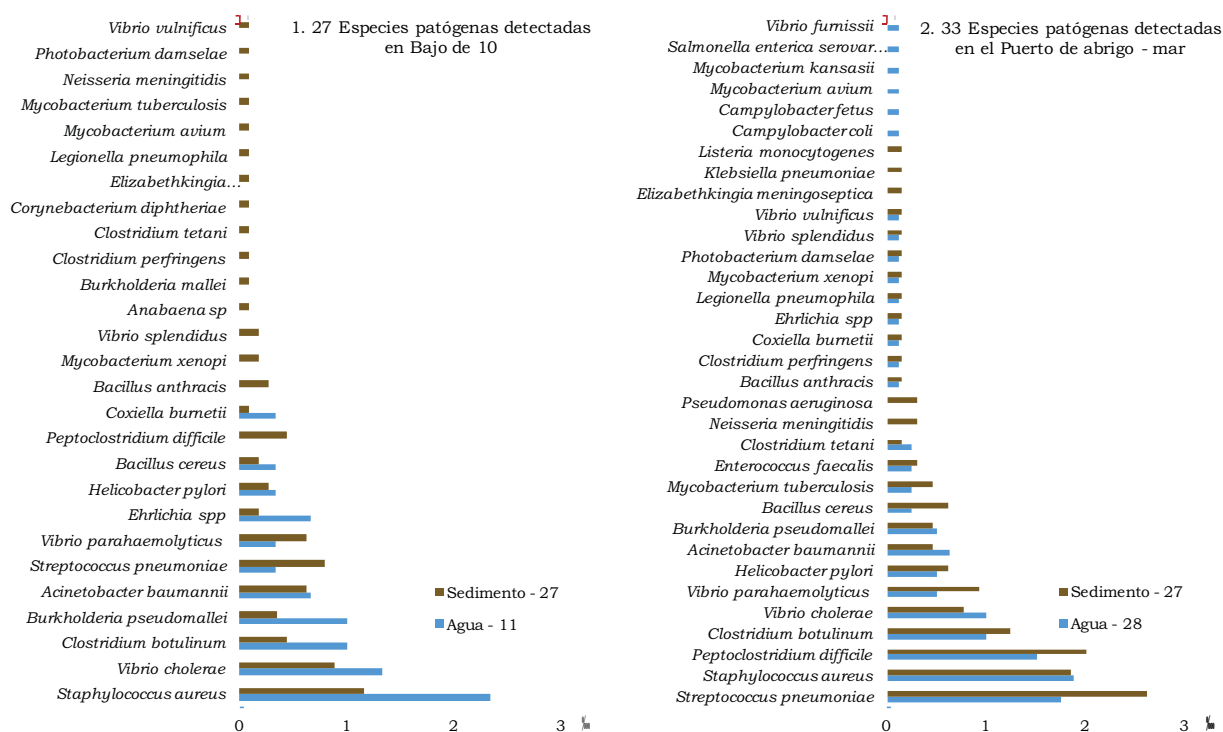


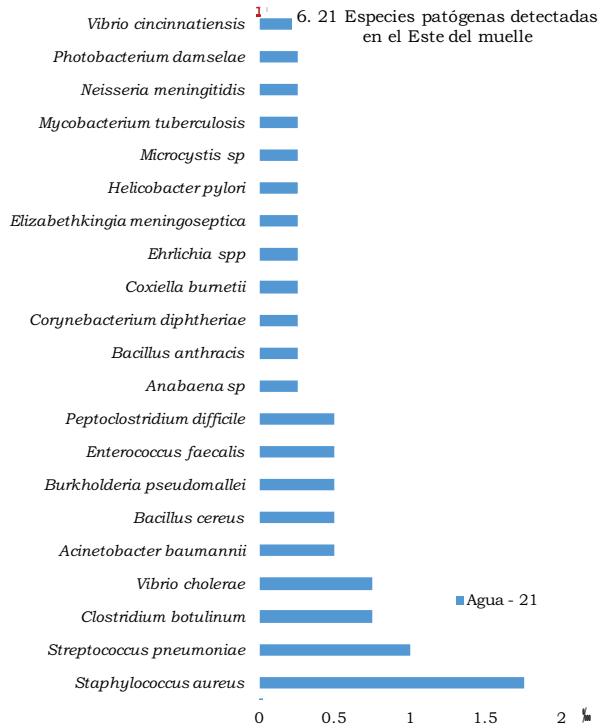
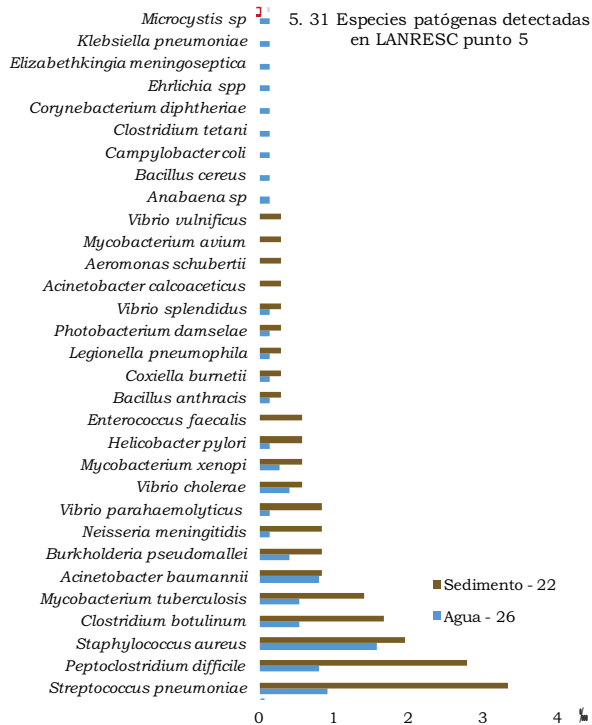
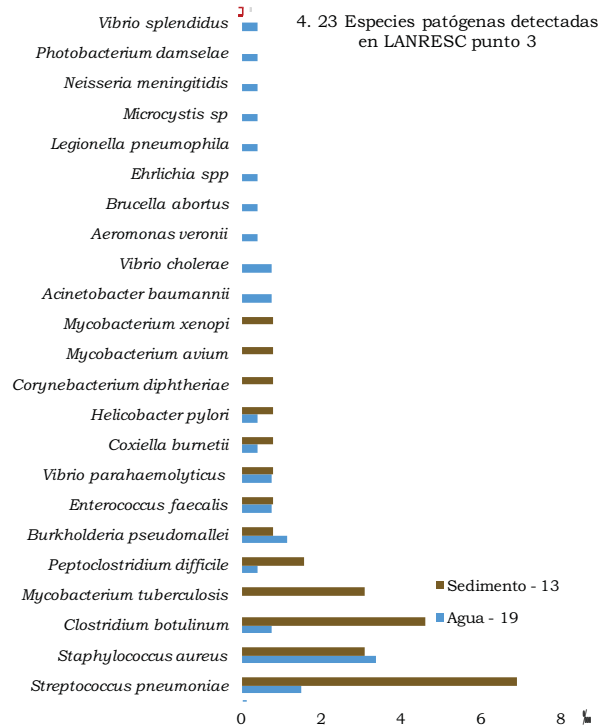
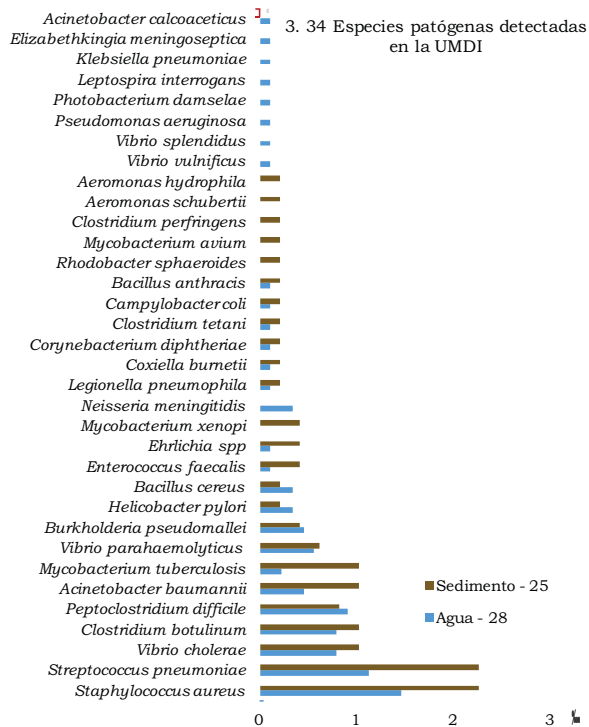
Figura 23 Cantidad de especies patógenas presentes por punto, en el sedimento y el agua en cada uno de los puntos de muestreo

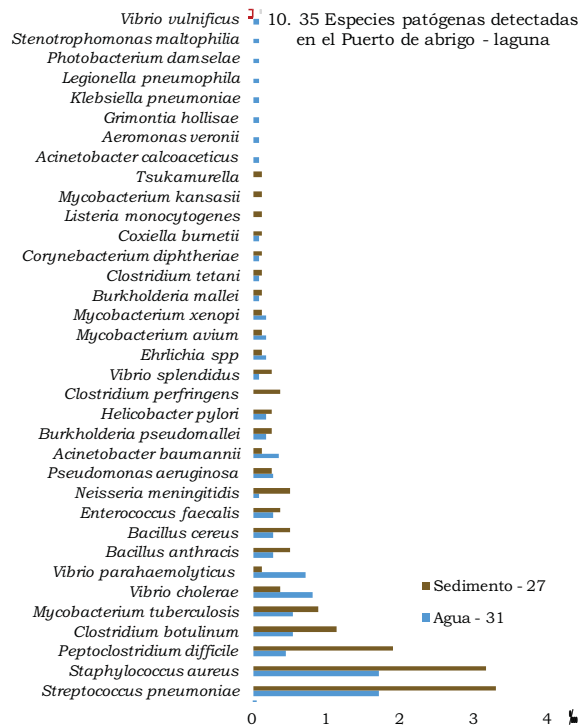
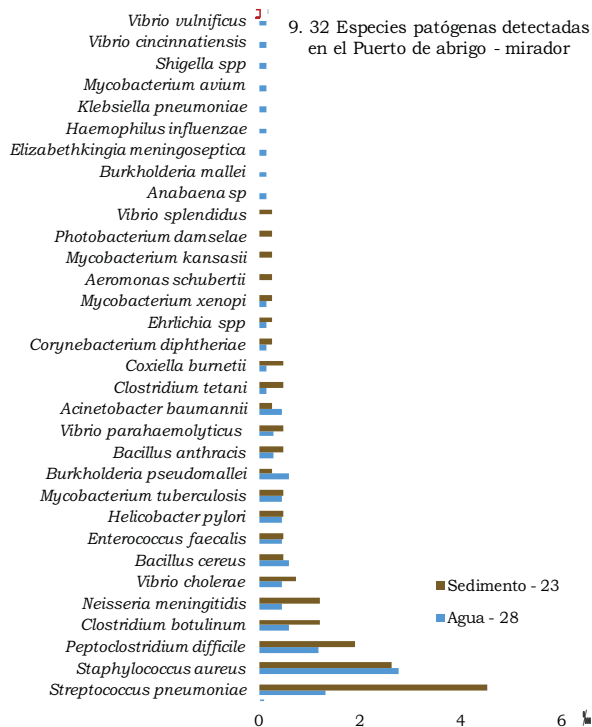
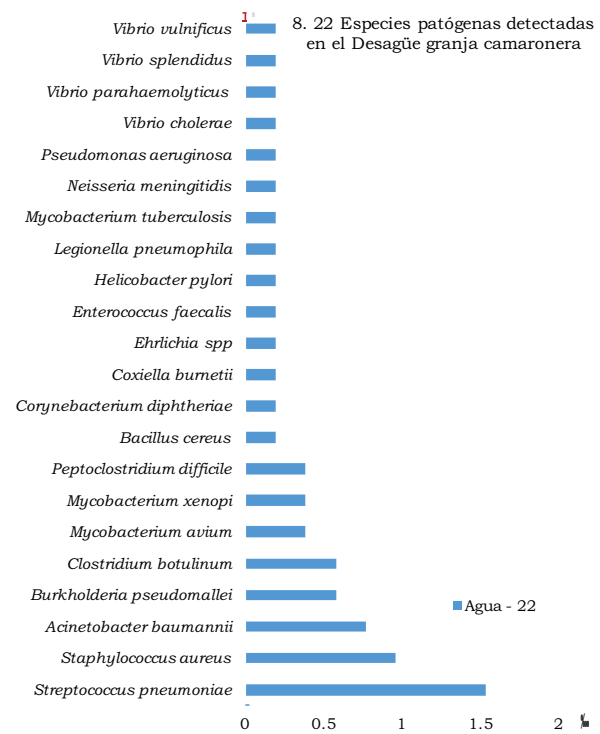
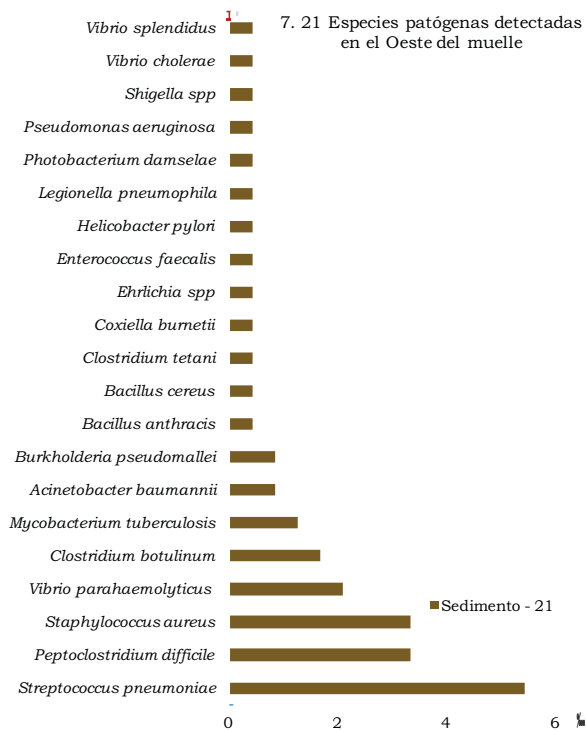
6.2.3.1. Agentes etiológicos en cada punto de muestreo

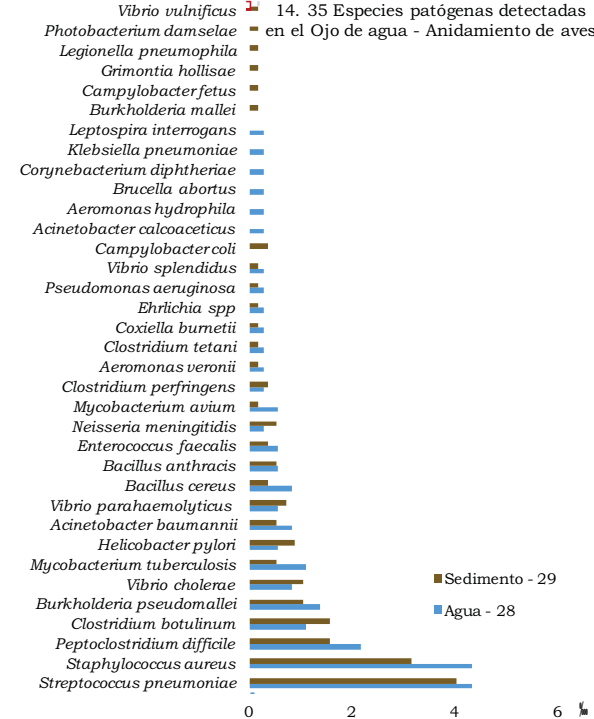
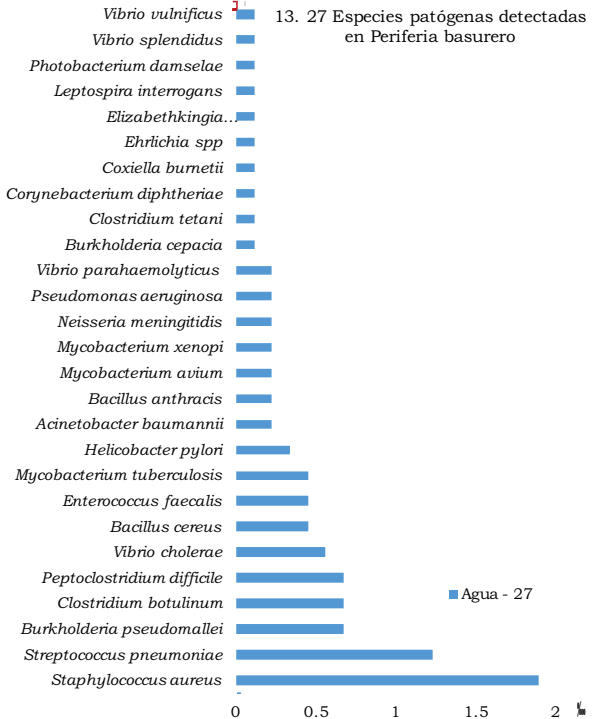
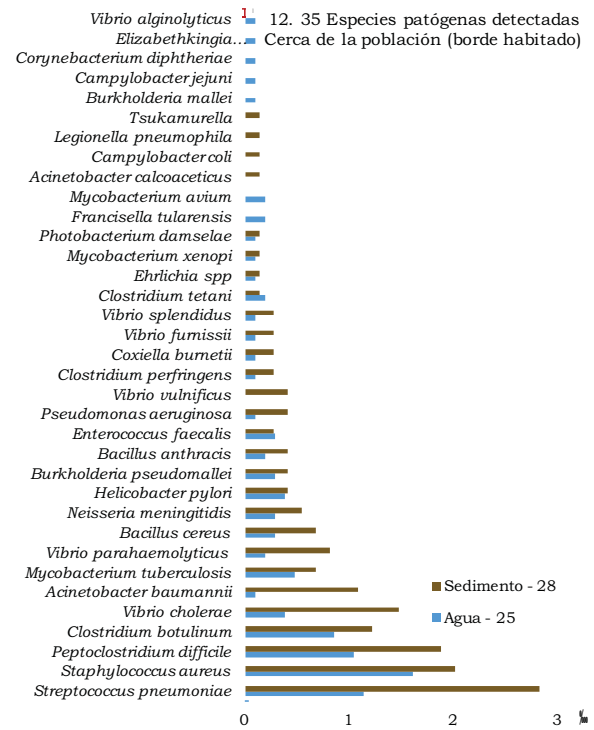
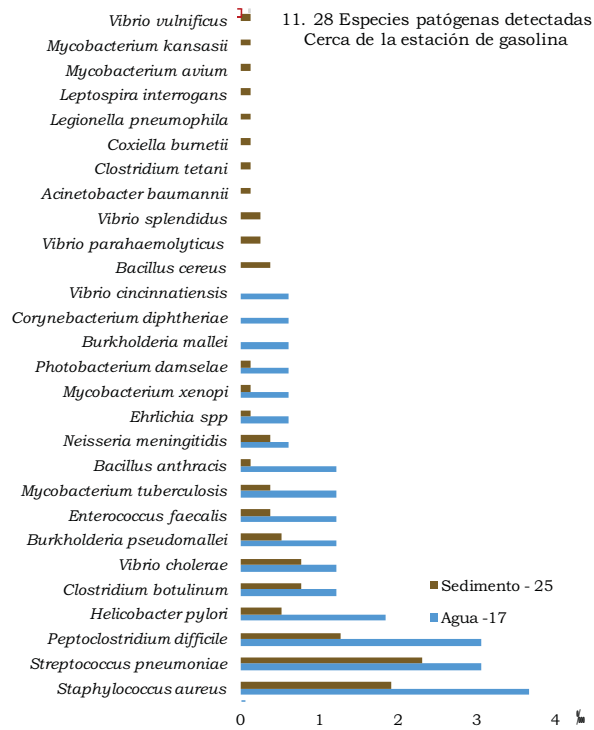
El perfil de la microbiota patógena, de cuantas y cuales especies están en cada uno de los medios en cada punto muestreado, se realizó acorde a la abundancia relativa de las especies de interés detectadas (número de lecturas asignadas a la especie, sobre el número de lecturas clasificadas en la muestra), en unidades de por diez mil ($\%/\text{ooo}$), obteniendo así 19 gráficas (figura 24 -1, 24-2, 24-3, 24-4, 24-5, 24-6, 24-7, 24-8, 24-9, 24-10, 24-11, 24-12, 24-13, 24-14, 24-15, 24-16, 24-17, 24-18 y 24-19).

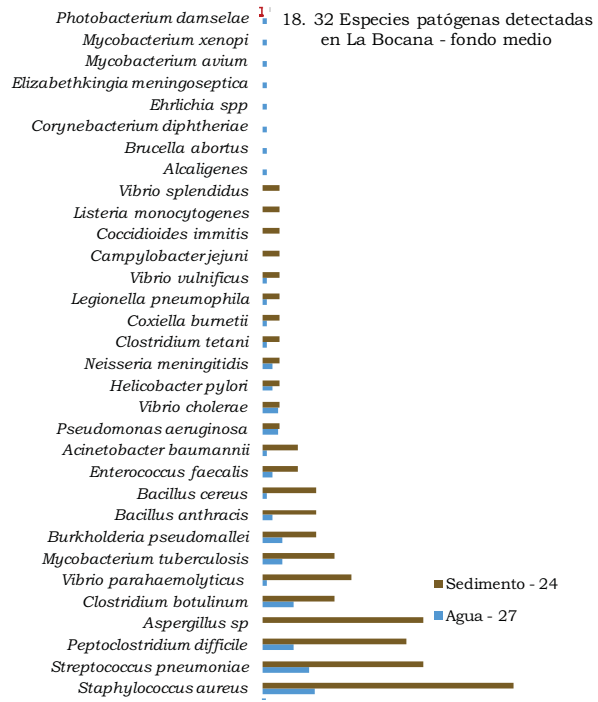
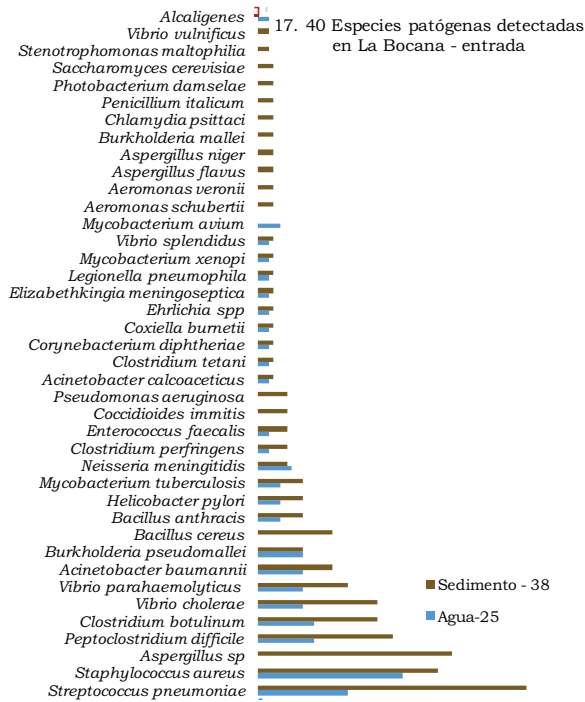
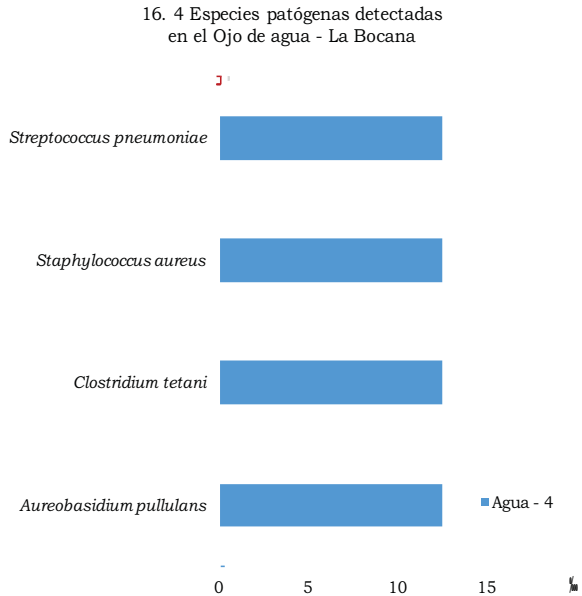
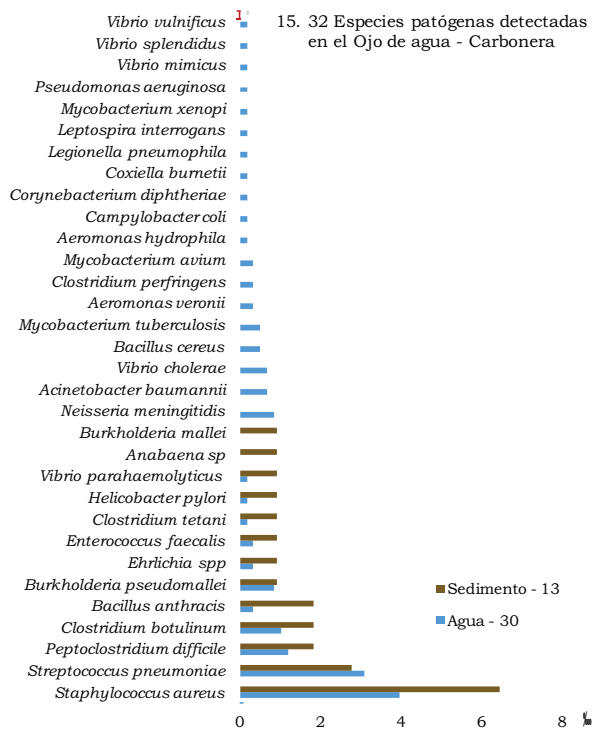
De los 19 puntos, en 11 predomina la abundancia relativa de especies en el sedimento (figura 24-2, 24-3, 24-4, 24-5, 24-9, 24-10, 24-12, 24-15, 24-17, 24-18 y 24-19), y en tres en el agua (figura 24-1, 24-11 y 24-14); las demás muestras (5) solo se tiene un medio de análisis (Agua: figura 24-6, 24-8, 24-13, 24-16; sedimento: figura 24-7).











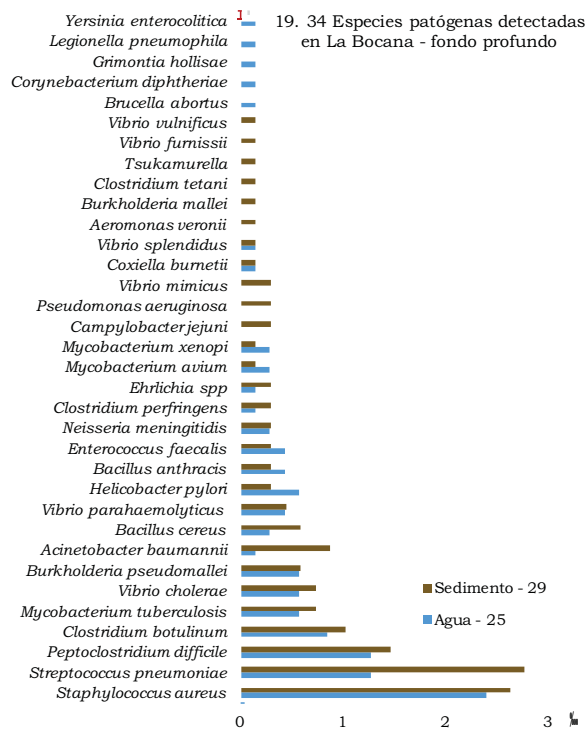


Figura 24 Por diez mil (‰/1000) de las especies patógenas de interés en cada punto muestreado tanto en agua como en sedimento – 1. Bajo de 10 (mar adentro), 2. Puerto de abrigo – mar, 3. UMDI, 4. LANRESC punto 3, 5. LANRESC punto 5, 6. Este del muelle, 7. Oeste del muelle, 8. Desagüe de la granja camaronera, 9. Puerto de abrigo – mirador, 10. Puerto de abrigo – laguna, 11. Cerca de la estación de gasolina, 12. Cerca de la población (borde habitado), 13. Periferia al basurero, 14. Ojo de agua - anidamiento de aves, 15. Ojo de agua – La Carbonera, 16. Ojo de agua - La Bocana, 17. La Bocana entrada, 18. La Bocana fondo medio, 19. La Bocana fondo profundo.

6.2.3.2. Agentes etiológicos en cada ambiente

Se agruparon las 65 especies en cada medio en las que fueron detectadas, con lo que se estableció: 54 especies en sedimento (figura 25), y 54 en agua (figura 26). En forma descendente, las primeras 10 posiciones de las especies en el sedimento las conforman: *Streptococcus pneumoniae*, *Staphylococcus aureus*, *Peptoclostridium difficile*, *Clostridium botulinum*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio cholerae*, *Burkholderia pseudomallei*, *Acinetobacter baumannii* y *Helicobacter pylori*, con valores de por diez mil entre 51.69 y 7.49.

En el agua, en las 10 primeras posiciones están: *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae*, *Peptoclostridium difficile*, *Clostridium tetani*, *Clostridium botulinum*, *Aureobasidium pullulans*, *Vibrio cholerae*, *Burkholderia pseudomallei*, *Acinetobacter baumannii* y *Mycobacterium tuberculosis*, con valores entre 50.97 ‰ y 7.50 ‰. Es pertinente aclarar que, para que la escala de la gráfica evidenciara mejor el comportamiento de la mayoría de las muestras, a las cuatro especies (*Streptococcus pneumoniae*, *Staphylococcus aureus*, *Clostridium tetani* y *Aureobasidium pullulans*) del punto ojo de agua La Bocana se les ajustó el valor en la gráfica, teniendo un valor real de por diez mil de 12.47.

Se hizo el ejercicio de establecer el orden de las especies en el agua sin el ojo de agua La bocana, y se encontró en los 10 primeros lugares a *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae*, *Peptoclostridium difficile*, *Clostridium botulinum*, *Vibrio cholerae*, *Burkholderia pseudomallei*, *Acinetobacter baumannii*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Helicobacter pylori* y *Enterococcus faecalis* con valores desde 6.26 ‰ hasta 38.58 ‰, incorporándose las dos últimas especies enlistadas, y a su vez remplazando al *Clostridium tetani* (paso de tener un por diez mil de 14.19 a 2.61) y *Aureobasidium pullulans* (salió del consolidado general) respecto al primer planteamiento.

Para la visualización y reconocimiento global de las especies patógenas de interés detectadas en los diferentes puntos de muestreo, se realizó tanto una tabla semaforizada con las especies presentes en cada medio (tabla 12), como un mapa georreferenciado con la microbiota patógena más recurrente en cada punto (figura 27).

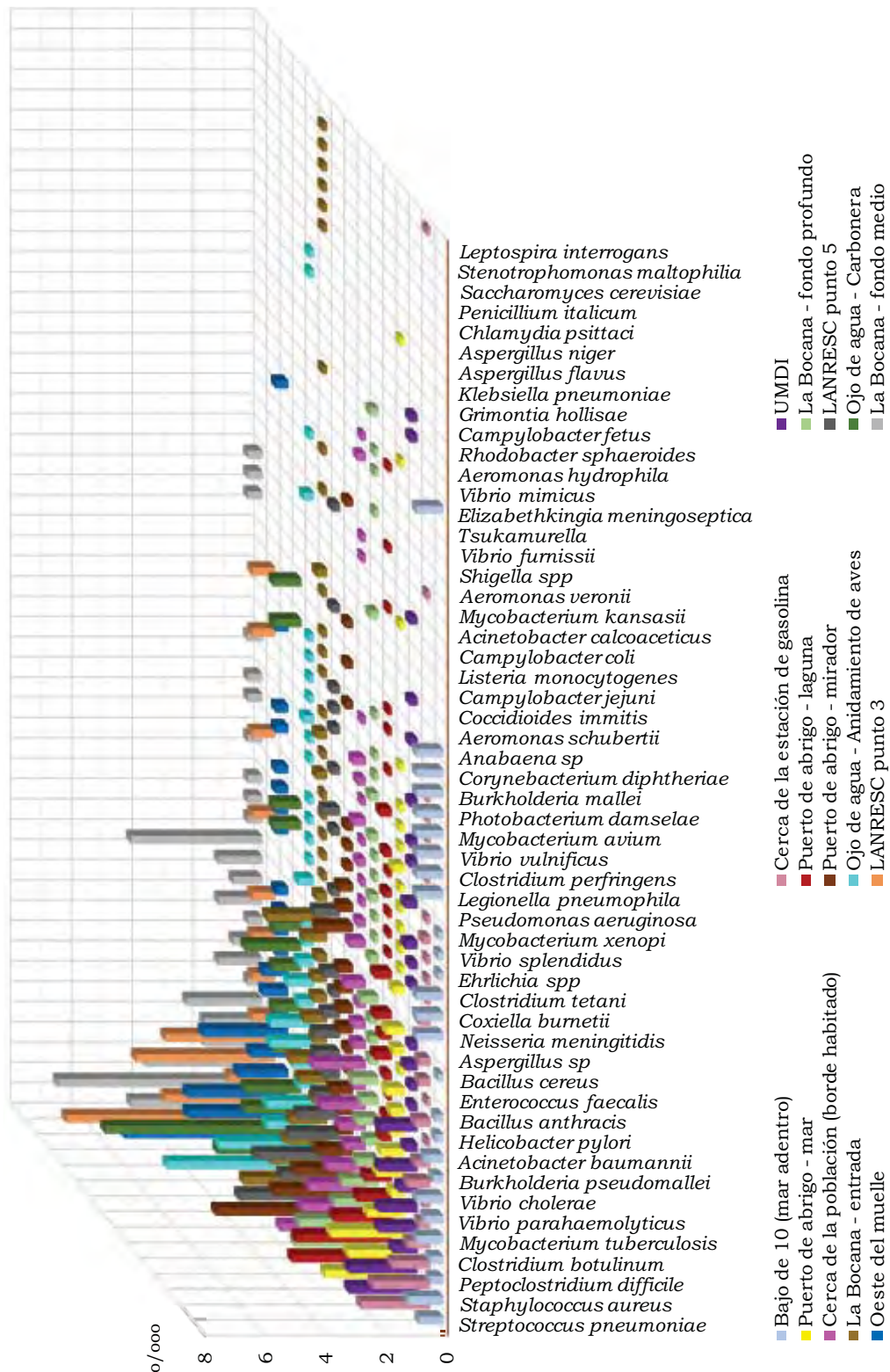


Figura 25 Por diez mil (‰) de lecturas de las 54 especies patógenas detectadas en las muestras de sedimento

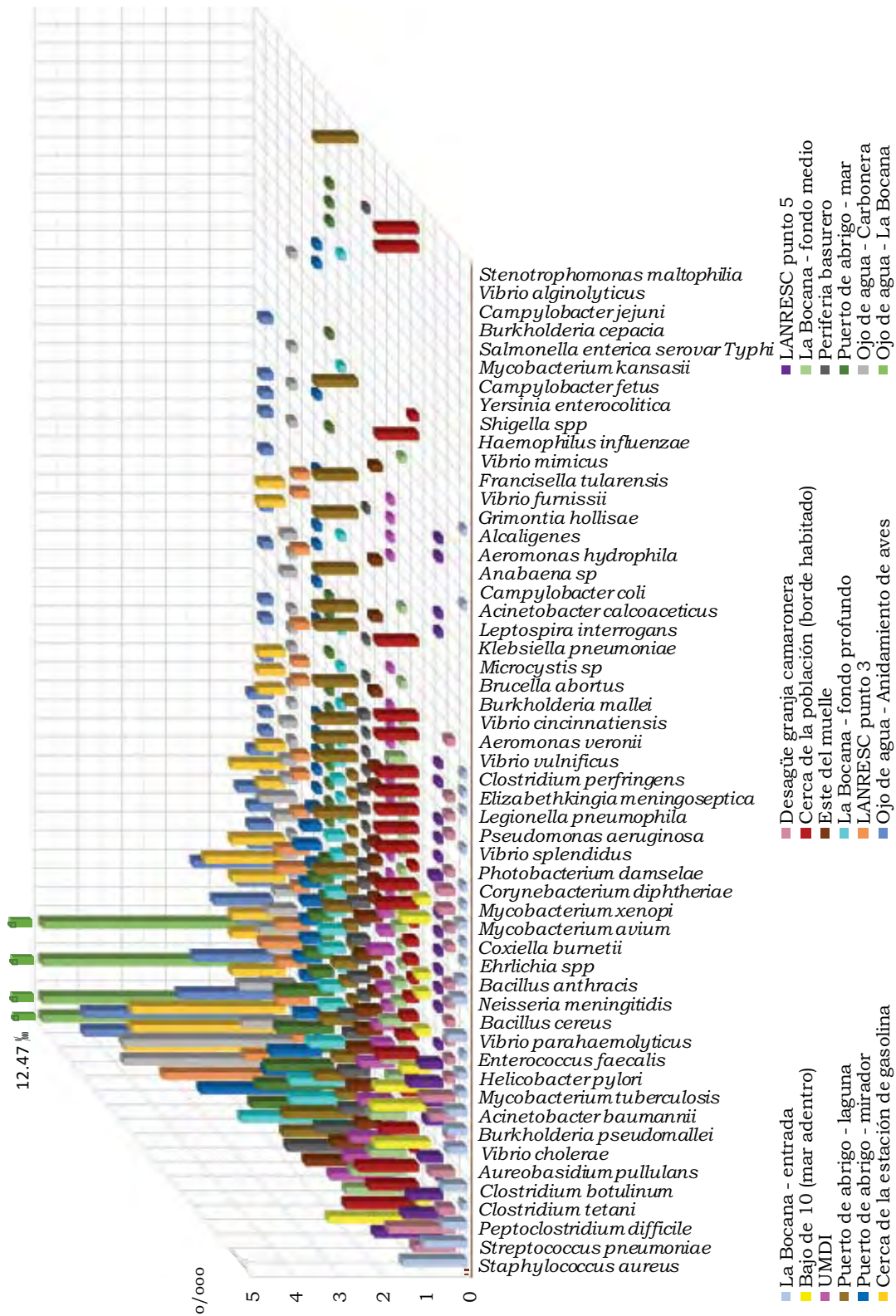
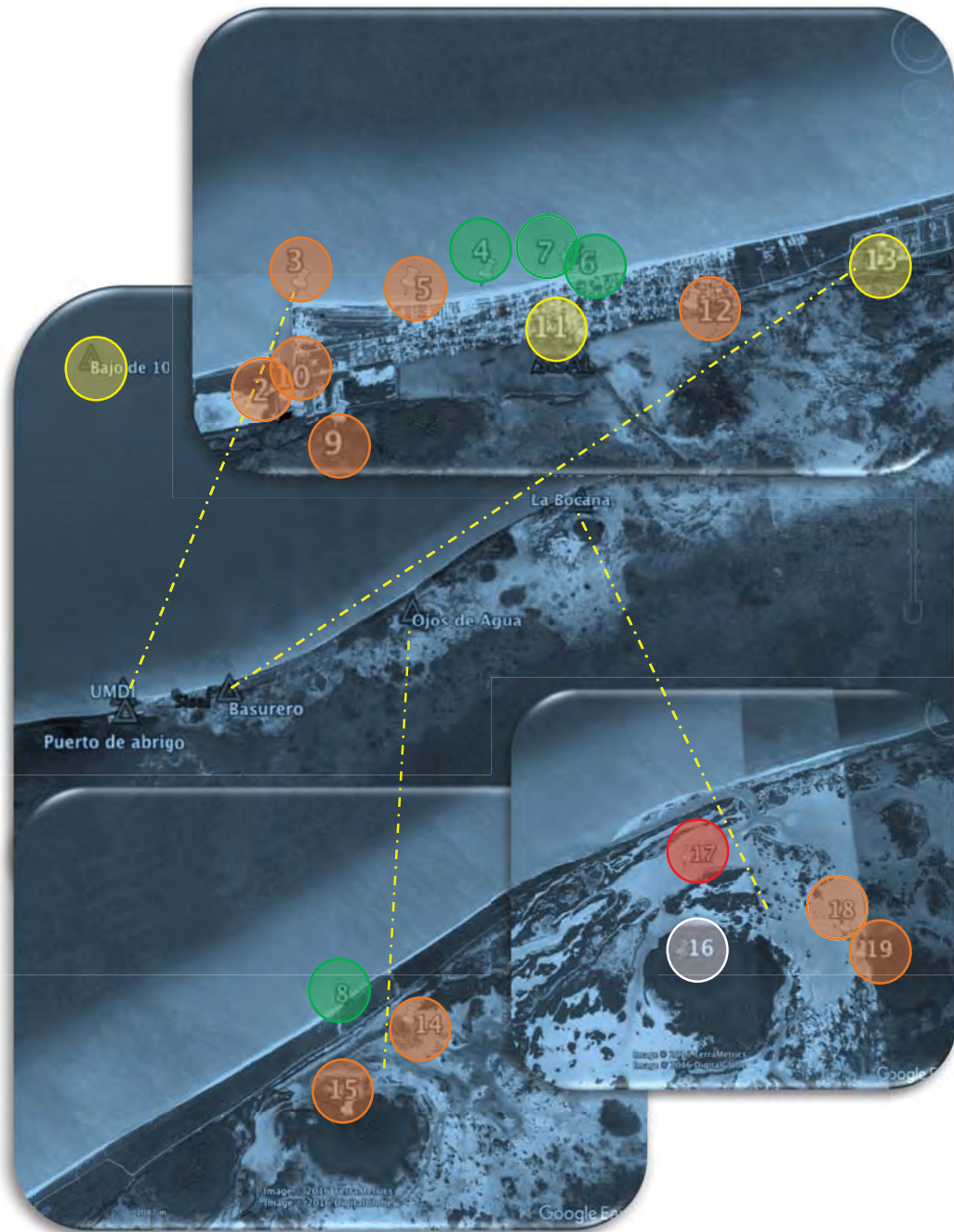


Figura 26 Por diez mil (‰) de lecturas de las 54 especies patógenas detectadas en las muestras de agua

Especies patógenas detectadas	Puntos de muestreo						Puntos de muestreo						Resumen									
	Bajo de 10 (mar adentro)	Puerto de abrigo - mar	UMDI	LANRESC punto 3	LANRESC punto 5	Este del muelle	Oeste del muelle	Desague granja camarонера	Puerto de abrigo - mirador	Puerto de abrigo - laguna	Cerca de la estación de gasolina	Cerca de la población	Periferia basurero	La Bocana - entrada	La Bocana - fondo medio	La Bocana - fondo profundo	Ojo de agua - Anidamiento aves	Ojo de agua - Carbonera	Ojo de agua - La Bocana	Pts con presencia agua + sedimento	Puntos con presencia sedimento	Puntos con presencia agua
<i>Burkholderia pseudomallei</i>																				14	1	3
<i>Clostridium botulinum</i>																				14	1	3
<i>Helicobacter pylori</i>																				14	1	3
<i>Staphylococcus aureus</i>																				14	1	4
<i>Streptococcus pneumoniae</i>																				14	1	4
<i>Peptoclostridium difficile</i>																				10	2	3
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>																				13	2	2
<i>Bacillus anthracis</i>																				12	2	2
<i>Coxiella burnetii</i>																				12	2	4
<i>Enterococcus faecalis</i>																				12	2	3
<i>Vibrio cholerae</i>																				12	1	5
<i>Acinetobacter baumannii</i>																				11	2	5
<i>Ehrlichia spp</i>																				11	1	6
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>																				11	3	4
<i>Bacillus cereus</i>																				9	3	5
<i>Clostridium tetani</i>																				9	4	3
<i>Neisseria meningitidis</i>																				9	2	6
<i>Mycobacterium xenopi</i>																				8	3	4
<i>Vibrio splendidus</i>																				7	5	5
<i>Clostridium perfringens</i>																				5	3	1
<i>Legionella pneumophila</i>																				5	5	5
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>																				8	2	10
<i>Photobacterium damsela</i>																				8	5	6
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>																				7	4	4
<i>Mycobacterium avium</i>																				3	5	8
<i>Vibrio vulnificus</i>																				2	7	6
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>																				1	2	3
<i>Aeromonas veronii</i>																				1	2	3
<i>Burkholderia mallei</i>																				1	5	3
<i>Campylobacter coli</i>																				1	2	3
<i>Elizabethkingia meningoseptica</i>																				1	2	7
<i>Vibrio furnissii</i>																				1	1	1
<i>Aeromonas hydrophila</i>																				1	1	2
<i>Aeromonas schubertii</i>																				4		
<i>Alcaligenes</i>																						2
<i>Anabaena sp</i>																				2		3
<i>Aspergillus flavus</i>																				1		
<i>Aspergillus niger</i>																				1		
<i>Aspergillus sp</i>																				2		
<i>Aureobasidium pullulans</i>																						1
<i>Brucella abortus</i>																						4
<i>Burkholderia cepacia</i>																						1
<i>Campylobacter fetus</i>																						1
<i>Campylobacter jejuni</i>																						2
<i>Chlamydia psittaci</i>																						1
<i>Coccidioides immitis</i>																						2
<i>Francisella tularensis</i>																						1
<i>Grimontia hollisae</i>																						1
<i>Haemophilus influenzae</i>																						1
<i>Klebsiella pneumoniae</i>																						1
<i>Leptospira interrogans</i>																						1
<i>Listeria monocytogenes</i>																						3
<i>Microcystis sp</i>																						3
<i>Mycobacterium kansasii</i>																						3
<i>Penicillium italicum</i>																						1
<i>Rhodobacter sphaeroides</i>																						1
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>																						1
<i>Salmonella enterica serovar Typhi</i>																						1
<i>Shigella spp</i>																						1
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>																						1
<i>Tsukamurella</i>																						3
<i>Vibrio alginolyticus</i>																						1
<i>Vibrio cincinnatiensis</i>																						3
<i>Vibrio mimicus</i>																						1
<i>Yersinia enterocolitica</i>																						1
Especies presentes en agua y sedimento	11	23	19	9	17			19	23	14	33	23	19	20		23	11		14	1	3	
Especies presentes en sedimento	16	5	6	4	5		21	4	4	11	5	15	5	9		7	2		4	1	3	
Especies presentes en agua	6	9	10	9	21		22	9	8	3	7	27	2	8	5		6	19	4			

Tabla 12 Detección de especies patógenas por punto en la costa marina y ciénaga



Número total de microorganismos con carácter patógeno identificados por punto de muestreo



	Puntos de Muestreo																		
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	17	18	19	14	15	16
# de especies patógenas																			
Agua y sedimento	11	22	19	9	17	-	-	-	19	23	14	23	-	23	19	20	22	11	-
Sedimento	16	5	6	4	5	-	21	-	4	4	11	5	-	15	5	9	7	2	-
Agua	-	6	9	10	9	21	-	22	9	8	3	7	27	2	8	5	6	19	4
Total por punto	27	33	34	23	31	21	21	22	32	35	28	35	27	40	32	34	35	32	4
Reservorio humano	2	4	4	3	4	3	4	3	5	4	3	3	3	3	3	3	4	4	2
Coliformes y enterococos	-	2	2	1	2	1	1	1	2	2	1	1	1	1	1	1	2	1	-

Figura 27 Mapa con la microbiota detectada

7. Discusión de resultados

Tras la detección y cuantificación del ADN por los diferentes métodos de extracción y sus variaciones, y con las pruebas de purificación realizadas, se estableció que el mejor método para las muestras aquí analizadas es el de lisis *in situ* - absorción en sílice, por lo cual fue la única metodología usada en esta investigación para la obtención del ADN metagenómico. Cabe aclarar que el ADN obtenido permitió establecer la microbiota presente en las muestras independiente de su viabilidad (Nogales *et al.*, 2011; Rodríguez *et al.*, 2009).

La cuantificación del ADN es específica para estas moléculas con el kit empleado en la técnica de fluorometría (PROMEGA, s.f.), razón por la que este método fue el empleado como referente para la obtención de la concentración del ADN metagenómico; esta técnica no reporta la pureza con la que el ADN se encuentra en las muestras, por lo que se usó como base la técnica de espectrofotometría para esta información. Al comparar las concentraciones del ADN con las dos técnicas, se hizo evidente las diferencias en los valores que reportaban, siendo los de espectrofotometría mayores. Esto obedece a que en la longitud de onda en la cual se realiza la lectura de las absorbancias hay otras moléculas que pueden interferir (Arenas & López, 2004; Thermo Scientific, 2013).

Durante todo el tratamiento informático, se perdió una gran parte de las secuencias, y el porcentaje mayoritario fue tras la unión de estas (join); en la muestra que se conservó mayor cantidad de lecturas permaneció el 51.82 %, y la que perdió la mayor parte de estas permaneció con 11.69 % (tabla 8). El filtro de calidad con Phred 20, llevó a que las lecturas de trabajo se redujeran un poco más, removiendo entre un 21.66 % y 4.92 % de las secuencias (tabla 8), pero ello permitió que las lecturas que permanecieron, tuvieran una calidad adecuada para el trabajo a desarrollar (Li *et al.*, 2008).

La eliminación de adaptadores e iniciadores es el paso con el que se culminó el preprocesamiento de las lecturas para la asignación, ajustando el tamaño de las secuencias de las muestras entre 19 - 592 pares de bases (pb) hasta 54 - 592 pb. La evaluación en el programa FastQC antes de los procesos mencionados, y con las secuencias listas para ingresar a la plataforma de OneCodex (tabla 9), sirvió para constatar el aumento en el cumplimiento de

los parámetros de calidad de las secuencias, tras el tratamiento informático. Las secuencias crudas (R1 y R2) que “presentaron fallos” o “generaron avisos”, tras la unión, cambiaron su estadio a “cumplir con el criterio”, menos los ítems referentes a “contenido de CG por secuencia” (continuaron con fallas menos las tres muestras de puerto de abrigo sedimento), y de la “calidad por base”; este último quedó en todos los puntos menos en el puerto de abrigo mar agua “generando avisos”. De igual forma, se evidenció que R1 tiene una calidad mayor que R2.

La rarificación solo se realizó dentro del análisis, para establecer la similitud en general de las muestras con todos los OTUs, mas no para lo concerniente a las especies patógenas; esto debido a que es de interés, las especies con bajo número de asignaciones, y al momento de rarificar, estas son las primeras lecturas que tienden a desaparecer.

Se estableció por medio de la curva de rarefacción (figura 7), que el esfuerzo de muestreo no fue lo suficientemente exhaustivo, lo cual se evidencia al no alcanzar el comportamiento asintótico, dejando ver que se requiere hacer más muestreos. Tras la ausencia del comportamiento en mención, se decidió el valor de rarificación, con base en minimizar la pérdida de muestras para este análisis, estableciendo el corte en 29 992 lecturas, correspondientes a la muestra de agua de Bajo de 10 (mar adentro), lo que dejó por fuera 7 muestras entre ciénaga y costa marina, tanto de agua como de sedimento.

En el dendograma de OTUs (figura 8) fue claro el comportamiento generalizado de agrupación, las muestras de sedimento al costado izquierdo y en el otro las de agua; ello permitió establecer que hay similitud entre las muestras de los ambientes estudiados, esto con base en la disimilitud definida por Bray Curtis. Así mismo, se reflejaron subagrupamientos de las muestras que pertenecían a la ciénaga y a la costa marina, lo que permitió inferir que la comunidad bacteriana guarda similitud entre los ambientes a pesar de su distanciamiento geográfico. También se observó que hay similitud entre el sedimento y agua subyacente (Botello, 2005) en las muestras del puerto de abrigo mar.

Con las muestras que quedaron tras la rarificación, se estableció que en el sedimento (figura 13), el lugar más equitativo según el Índice de equitatividad de Pielou, es cerca de la población (borde habitado), en donde los OTUs tiene abundancias similares; esta información fue concordante

con el índice de Simpson, que dejó a cerca de la población como la muestra de menor comportamiento dominante (puesto 11). Este mismo punto, también quedó clasificado como el más diverso frente a sus semejantes según Shannon, y con una riqueza que lo pondero en el quinto lugar para este ítem. La muestra Bajo de 10 en sedimento se clasifico como, la de menor equitatividad, menor diversidad y menor riqueza, teniendo el segundo lugar en dominancia. En este medio, la muestra que tuvo la mayor riqueza de OTUs fue La Bocana fondo profundo.

Al comparar los índices en las muestras de agua (figura 14), se clasificó como la muestra con más diversidad y con mayor equitatividad, al ojo de agua del anidamiento de aves, concordante con el índice de Simpson, que indica tiene la menor dominancia; este punto quedo en segundo lugar en cuanto a la riqueza. En contraposición, está la muestra de Bajo de 10, que quedó en el último puesto (15) de riqueza y diversidad, teniendo el segundo lugar en dominancia, y el penúltimo en equitatividad. La muestra con el menor Índice de equitatividad de Pielou, fue La Bocana Fondo profundo, correspondiente con su posición de dominancia (primer lugar).

De todas las muestras analizadas, la relación más cercana entre el agua y el sedimento, respecto al análisis de los índices, es Bajo de 10, ya que se ponderó como el punto con menor riqueza de OTUs y menor diversidad en los dos medios.

Por medio de este estudio, se hizo el reconocimiento en el noroeste de la península de Yucatán, de las especies presentes de interés con carácter patógeno, que se han informado pueden causar enfermedad al ser humano en la zona (INNSZ, 2013) y el resto del mundo (OMS, s.f.c). La caracterización fue a nivel cualitativo, ya que no se contempló en el alcance del estudio, establecer la presencia de cepas patógenas, su viabilidad, genes de virulencia y abundancias, información que permitiría saber si la presencia de estos microorganismos hallados, representan en cada uno de los medios, un riesgo para la salud de los humanos y/o animales que allí transitan (Lee *et al.*, 2013; Nogales *et al.*, 2011; Rodríguez *et al.*, 2009). Los muestreos llevados a cabo en esta investigación fueron puntuales, por los que las detecciones corresponden a un punto de la zona en particular, en cierta temporada del año, en un momento determinado, por lo que esas condiciones particulares, quizá pudieron haber influido en las variaciones de la microbiota, entre las zonas y medios.

El ciclo de vida de algunos agentes etiológicos depende de la posibilidad de escapar de su hospedero y contactar y penetrar uno nuevo (Atlas & Bartha, 2002; Friman *et al.*, 2011); otros, por el contrario, son oportunistas, tienen la capacidad de sobrevivir y proliferar en diferentes ambientes, esto debido a las interacciones que establecen con la comunidad microbiana y su entorno (Lee *et al.*, 2013; UNAVARRA, 2004). En este estudio, se hallaron tanto patógenos estrictos, que no hacen parte de la flora habitual del medio o huésped, como oportunistas (figura 22). En la literatura no hay evidencias de la forma en que el medio en el que se desarrollan estos microorganismos, y sus condiciones bióticas y abióticas, influye en el carácter de patogenicidad (Friman *et al.*, 2011); mas se han realizado estudios, que han establecido la influencia o perturbaciones que pueden sufrir los genes de virulencia, por variaciones en el entorno, por ejemplo, cambios en la temperatura (Lee *et al.*, 2013; Mauchline *et al.*, 1994; Aurelli *et al.*, 1984).

En algunos estudios se ha establecido que parámetros como la salinidad, pH y temperatura, pueden definir la comunidad microbiana de un determinado hábitat, ya que los organismos tienen que estar adaptados a estas condiciones en particular para sobrevivir (Lara, 2010; Oberbeckmann *et al.*, 2012; Salloto *et al.*, 2012). Parte de los factores a los que están expuestos los microorganismos en la península, incluyendo los agentes etiológicos aquí estudiados, se relacionan con las descargas de agua contaminada, que fluyen hacia las aguas subterráneas y que desembocan en la costa (Batllori *et al.*, 2006; Epstein & Rapport, 1996); esta situación genera ambientes con cargas altas de nitratos y silicatos, y en menor proporción de fosfatos y material particulado (Herrera *et al.*, 2010; Nogales *et al.*, 2011).

La interacción entre el mar y el ecosistema interno tras la barra de arena en Sisal, se ve afectada por la morfología de la zona y sus condiciones dinámicas naturales, como las corrientes y las mareas (diurnas), lo cual favorece los procesos de mezcla e intercambio entre estos (de la Lanza & Montes, 1999; Gutiérrez, 2010). Sumado a esto, están las afectaciones antropogénicas al medio, las cuales consisten en asentamientos humanos que se han desarrollado a lo largo de la ciénaga, ganando terreno a este ambiente, mediante rellenos con desechos y materiales perecederos (Batllori *et al.*, 2006). En el Puerto puntualmente, no se cuenta con un sistema de tratamiento y disposición de aguas residuales, ni de alcantarillado (Urrea, 2012); sin embargo, hablando con la población local, se estableció que la disposición de las aguas residuales, se maneja por medio de fosas sépticas,

algunas casas cuentan con este sistema y otras aún tienen letrinas. Estas prácticas, y dadas las características cársticas del suelo, lleva a la exposición directa y filtración de los lixiviados por percolación al manto freático.

Las especies de manglar han demostrado tener tolerancias a los cambios en el nivel del mar, la salinidad y las tormentas (Herrera *et al.*, 2010); pero ello no significa, que no se vean alteradas las zonas estuarinas, sus procesos de mezcla, la salinidad, masas de agua (aumento), y las comunidades que allí habitan, debido a la elevación del nivel del mar (Rivera *et al.*, 2010). El manglar de Sisal se ha caracterizado como hipersalino, y con baja concentración de nutrientes (Herrera *et al.*, 2010).

Las mediciones *in situ* de los parámetros fisicoquímicos, y los análisis de laboratorio realizados, permitieron caracterizar las zonas de estudio en un momento dado; valores similares a los encontrados en la literatura (Acuña *et al.*, 2008; Astorga & Silva, 2005; Barrera & Namihira, 2004; Batllori *et al.*, 2006; Calva *et al.*, 2000; de la Lanza & Montes, 1999; de la Lanza, 2001; Hernández, 2000; Morales, 2007; Zavala, J. *et al.*, 2005). Sin embargo, aunque hay condiciones semejantes entre puntos de ambientes similares, no son datos suficientes para realizar descripciones, comparaciones o correlaciones con la comunidad bacteriana patógena presente y su desarrollo (Fuhrman *et al.*, 2006; Nogales *et al.*, 2011; Underwood, 2000; Zhang *et al.*, 2009).

Los sedimentos se pueden considerar como un reservorio o trampa de los microorganismos y contaminantes, que circundan en la columna de agua y todo lo que a ella llega, pero en cierto momento, se puede ver como la fuente que la contamina tras liberar o dejar biodisponible su contenido retenido (Botello, 2005; Malham *et al.*, 2014; Nogales *et al.*, 2011). Este comportamiento se podría decir que se vio reflejado en 14 puntos de los muestreados, donde, de los 65 microorganismos de interés detectados, se compartieron entre los medios, desde nueve especies en LANRESC punto 3, hasta 23 de ellas en puerto de abrigo laguna, cerca de la población y La Bocana entrada (tabla 12). Al hacer referencia a la microbiota patógena que se halló en conjunto en los medios (agua y sedimento), se quiere ver un comportamiento global por punto, más no se pretende hacer comparación entre estos, ya que son muestras de origen distinto, con características físicas y químicas diferentes, y muestreos propios para cada medio.

En las últimas décadas, el crecimiento poblacional en las zonas costeras de México ha ido en aumento, lo que se cree según proyecciones podría continuar así, demandando una mayor presión sobre el ambiente y sus bienes (Azuz & Rivera, 2007). El desarrollo de la civilización, y la implementación de sus diversas actividades económicas y domésticas, han llevado a generar cada vez, mayor cantidad de fuentes difusas y directas que se descargan a ríos, estuarios, canales y otros cuerpos de agua (OPS, s.f.d).

La hidrología de las lagunas costeras de Yucatán se ve influenciada por el aporte de aguas subterráneas, aguas residuales, los tiempos de residencia del agua, escorrentías superficiales y fuentes exógenas como las excreciones de la fauna propia del entorno, factores determinantes en la calidad del agua (Herrera, 2006; Olivas *et al.*, 2011). Esta dinámica no solo aporta contaminantes del entorno, también lleva nutrientes, flujo constante de materiales y recursos vivos (OPS, s.f.d). Estas zonas por estar en contacto directo con las personas, y al ser recreativas, tanto para nadar como para la pesca, deben estar permanentemente monitoreadas.

Se hizo un agrupamiento parcial de los géneros reportados como patógenos y que fueron detectados (figura 16), de acuerdo al reservorio o características propias que se han descrito en la literatura; posteriormente se amplía la descripción de cada uno, tanto para el género como para las especies. La finalidad es establecer los posibles focos predominantes o la procedencia de la microbiota en cuestión. Algunas especies hacen parte de más de un grupo, mas solo se ubicaron en un conjunto, (I) especies que tienen como reservorio las aves: *Aeromonas*, *Campylobacter*, *Chlamydia* y *Helicobacter*; (II) especies con reservorio en mamíferos y vectores: *Brucella*, *Coxiella*, *Ehrlichia*, *Francisella*, *Salmonella* y *Yersinia*; (III) especies con reservorio en humanos: *Enterococcus*, *Klebsiella*, *Shigella*, *Staphylococcus* y *Streptococcus*; (IV) especies ubicuas: *Acinetobacter*, *Bacillus*, *Burkholderia*, *Clostridium*, *Listeria*, *Mycobacterium*, *Pseudomonas* y *Vibrio*.

En el acuerdo CE-CCA-001/89 se establecen los criterios ecológicos de calidad del agua, en él se menciona que, para aguas costeras, el conteo de los coliformes fecales debe estar entre 0 – 200 NMP/100 ml. Como el análisis se realizó por cuenta en placa de bacterias, los valores de referencia que se usaron son 126 UFC/100 ml (EPA, 1986). En el reporte de las muestras se encontró que las zonas de la costa marina analizadas dieron negativo para coliformes fecales, menos LANRESC punto 3 con

60 UFC/100 ml, valor que indicó presencia de c. fecales, pero dentro de lo permitido; en el caso de la ciénaga, la única muestra que excede el valor de referencia, es el ojo de agua anidamiento de aves (300 UFC/100 ml), lo cual se podría relacionar bajo la constante presencia de grandes multitudes de aves, y su asentamiento de anidación en el punto.

La norma NMX-AA-120-SCFI-2006 establece los requisitos y especificaciones de sustentabilidad de calidad de playas, y tiene establecido para enterococos un valor de 0 – 100 NMP/100 ml, pero este indicador no se midió en la investigación; más se estableció por secuenciación masiva, la presencia de *Enterococcus faecalis* en todas las muestras, en los dos ambientes, menos en Bajo de 10 y el ojo de agua La Bocana (tabla 12).

En cuanto a los coliformes totales, no se encontró una norma mexicana que los tuviera como indicador en estos ambientes trabajados, pero según la EPA para aguas recreativas, el conteo de estos no debe superar 200 UFC/100 ml (EPA, 1986). Los resultados indicaron que la presencia de patógenos termotolerantes (OPS, s.f.c) estaba por arriba de los límites permitidos en algunas muestras (anexo 2); cuatro muestras fueron incontables (LANRESC punto 3, este del muelle, desagüe de la granja camaronera y periferia al basurero), ojo de agua anidamiento de aves y UMDI tuvieron valores por arriba de lo permitido, y el resto de las muestras analizadas estuvieron entre lo normado (ojo de agua La Carbonera, LANRESC punto 5, oeste del muelle y Bajo de 10). Por secuenciación masiva, se corroboró la presencia de *Klebsiella* (coliforme termotolerante) en UMDI, LANRESC punto 5, ojo de agua anidamiento de aves, puerto de abrigo mirador y puerto de abrigo laguna. (Harwood *et al.*, 2014; McQuaig *et al.*, 2012; Staley *et al.*, 2012; Stewart *et al.*, 2008).

Para facilitar la descripción posterior de los géneros, y las especies presentes de interés en las diferentes muestras, se hacen dos aclaraciones: (I) se hizo referencia como “todas las muestras” al grupo analizado de muestras excluyendo el ojo de agua La Bocana, en el cual se detectaron cuatro especies de interés (*Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae*, *Clostridium tetani* y *Aureobasidium pullulans*), y serán analizadas más adelante. (II) De los 19 puntos muestreados (18 muestras de agua y 15 de sedimento), cinco se analizaron en un solo medio (cuatro en agua, este del muelle desagüe de la granja camaronera, periferia al basurero y ojo de agua La Bocana; una en sedimento, oeste del muelle), y en los 14 restantes, se

estableció la microbiota compartida entre el agua y el sedimento subyacente (tabla 12).

De los géneros identificados como potencialmente patógenos en la literatura (OMS, s.f.b; Wattam *et al.*, 2017), se encontraron por asignación a este nivel taxonómico 26 (22 en sedimento y 23 en agua - figura 15 y 16). A tres de estos géneros (*Borrelia*, *Escherichia* y *Rickettsia*), no se les relacionó con las especies de interés detectadas en la secuenciación; los 23 géneros restantes, se les vinculó con 44 de las especies patógenas encontradas. De los 22 géneros en sedimento, 20 de ellos tuvieron como mínimo un representante dentro del listado de las especies de la investigación, y en el agua, de los 23 géneros se relacionaron 21 a las especies en estudio (tabla 11).

El dendograma de abundancias relativas de géneros con potencial patógeno (figura 21), continuó parcialmente con el comportamiento descrito en el dendograma de OTUs, ya que agrupó en diferentes costados gran parte de las muestras de agua y sedimento (costado derecho). Las muestras de agua se agruparon en un subconjunto de ocho muestras de ciénaga, antecedidas del ojo de agua La Bocana que no presentó similitud con sus semejantes, y seguidas de una agrupación de muestras de agua de costa, que poco a poco se fueron mezclando con muestras de sedimento (todas con disimilitudes menores a 0.5). Posterior a este comportamiento, se concentraron las muestras de sedimento mezcladas entre mar y ciénaga; las agrupaciones que allí se resaltan son las de los ojos de agua, y nuevamente la de sedimento y agua del puerto de abrigo mar (comportamiento observado en el dendograma de OTUs).

Al comprar la asignación de secuencias a nivel de género y especie en las muestras, se evidenció que en el documento exportado en Excel de OneCodex, no se reportaron algunos géneros de especies de interés identificadas en ciertas muestras; esto obedece a no asignarse lecturas a este nivel taxonómico, en las mismas muestras donde aparecen las especies. Los géneros en los que se detectó este comportamiento son: *Coxiella*, *Enterococcus*, *Helicobacter*, *Klebsiella*, *Listeria*, *Mycobacterium*, *Shigella*, *Streptococcus* y *Vibrio*.

El género *Acinetobacter* está compuesto por organismos aerobios, distribuidos ampliamente en la naturaleza (Gales *et al.*, 2001). Se han aislado en muestras de agua y suelo (Baumann, 1968), lo que concuerda

con el análisis a nivel de género, con la detección en 16 muestras de agua y 15 de sedimento (figura 19 y 20).

A él pertenecen algunas especies causantes de infecciones graves, en las vías respiratorias y urinarias a nivel intrahospitalario, tales como *Acinetobacter baumannii* y *Acinetobacter calcoaceticus*; no son comunes los casos de infección en personas sanas (Gales *et al.*, 2001; Pantophlet *et al.*, 2002). En tiempos recientes, la comunidad científica se ha interesado en estas dos especies por sus capacidades metabólicas, potencialmente útiles en biorremediación en áreas contaminadas, con hidrocarburos tanto alifáticos como aromáticos (Lal & Khanna, 1996; Leahy *et al.*, 2003; Shiri *et al.*, 2014).

Algunos reportes donde se identificó *A. baumannii* son de la costa de Turquía y el Pacífico a nivel de Estados Unidos y México (Bojórquez *et al.*, 2016; Kulah *et al.*, 2010; Steele *et al.*, 2005), no se encontraron reportes en ciénaga. Dentro de la investigación se encontró presente esta especie en “todas las muestras”, en 11 puntos en los dos ambientes (Bajo de 10 - mar adentro, puerto de abrigo mar, UMDI, LANRESC punto 5, puerto de abrigo mirador, puerto de abrigo laguna, cerca de la población (borde habitado), La Bocana entrada, La Bocana fondo medio, La Bocana fondo profundo y ojo de agua anidamiento de aves), dos en sedimento (oeste del muelle y cerca de la estación de gasolina) y cinco en agua (LANRESC punto 3, desagüe granja camaronera, este del muelle, ojo de agua La Carbonera y periferia al basurero).

A. calcoaceticus se ha encontrado en muestras de la zona costera en el golfo Pérsico, Antártica, oeste de India, en el Atlántico y golfo de México (Buck *et al.*, 2006; Kokare *et al.*, 2007; Radwan *et al.*, 1999; Yakimov *et al.*, 2004); en sistemas lagunares estuarinos fue reportada en Brasil, Nigeria, golfo Pérsico y el Pacífico mexicano (Kafilzadeh *et al.*, 2013; Moreno *et al.*, 2015; Pines & Gutnick, 1984). En el estudio se detectó en la ciénaga, en el agua de la UMDI y el sedimento de LANRESC punto 5; en la costa marina, en los dos medios (La Bocana entrada), en agua (puerto e abrigo laguna y ojo de agua anidamiento de aves) y sedimento (cerca de la población).

Aeromonas son un grupo de bacterias Gramnegativas, anaerobias facultativas, ubicuas tanto en agua dulce como salobre, también en el suelo, sedimentos y lodos (OPS, s.f.a; Joseph *et al.*, 1988; Parker & Shaw, 2011); dentro del estudio, el género se identificó principalmente en las muestras

de ciénaga (ocho de agua y dos de sedimento) y en la muestra de costa marina de puerto de abrigo mar en los dos medios (figura 19 y 20).

La mayoría de las especies pertenecientes a este género, han sido asociadas a enfermedades humanas y en animales, algunas de ellas son: *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas veronii* y *Aeromonas schubertii*. Dentro de las enfermedades reportadas que estas especies pueden ocasionar en humanos esta, gastroenteritis por consumir agua o alimentos contaminados (Janda & Duffey, 1988; Rajal *et al.*, 2010), e infecciones de heridas por exposición a agua contaminada (Gold & Salit, 1993; Kelly *et al.*, 1993). Las *Aeromonas* han sido aisladas de muchas especies de aves, considerándolas reservorios (Joseph *et al.*, 1988; Santos *et al.*, 2012), lo que podría relacionarse con la mayoría de los puntos en los cuales se detectó en esta investigación (figura 17 y 18).

En particular, *Aeromonas hydrophila* ha sido aislada de zonas costeras de Puerto Rico, Italia, Brasil y el Pacífico de México (Fiorentini *et al.*, 1998; Hazen *et al.*, 1978; Pereira *et al.*, 2008; Vazquez, R. *et al.*, 2005), y en sistemas lagunares del sur del golfo de México y la costa atlántica de Estados Unidos (Aguirre *et al.*, 2007; Kaper *et al.*, 1981). Dentro de la búsqueda desarrollada, se detectó *A. Hydrophila* tanto en las muestras de la costa marina (sedimento de la UMDI), como en la ciénaga, esta última en el agua de las muestras del ojo de agua anidamiento de aves y La Carbonera.

Aeromonas veronii ha sido reportada en las costas de Chile, y el sur de Brasil (González *et al.*, 2009; Pereira *et al.*, 2008), también en lagunas costeras de Portugal (Cruz *et al.*, 2007); en la investigación se detectó en una muestra en agua de mar (LANRESC punto 3), y en ciénaga, en tres muestras de agua (puerto de abrigo laguna y ojo de agua La Carbonera) y sedimento (La Bocana entrada y La Bocana fondo profundo), una de ellas con presencia en los dos medios (ojo de agua anidamiento de aves).

Aeromonas schubertii la han encontrado en zonas costeras del sur de Brasil, Italia y Turquía (Fiorentini *et al.*, 1998; Onuk *et al.*, 2013 ; Pereira *et al.*, 2008); en el estudio se estableció en dos puntos de sedimento de la costa marina: UMDI y LANRESC punto 5. Para *A. schubertii* no se encontró en la búsqueda algún reporte con identificación en lagunas costeras, más en la investigación se detectó en el sedimento de La Bocana entrada y puerto de abrigo mirador, perteneciente a este ambiente. Estas especies también tienen capacidades metabólicas útiles en procesos de biorremediación,

como la producción de biosurfactantes, la degradación de compuestos orgánicos y metales (Cruz *et al.*, 2007; Hamed *et al.*, 2012; Kaczorek *et al.*, 2010; Lee *et al.*, 2000).

Las bacterias pertenecientes al género *Bacillus*, son organismos Grampositivos, aerobios, que pueden formar esporas resistentes a las altas temperaturas, y a los desinfectantes químicos corrientes (Sliman *et al.*, 1987). Son ubicuos en la naturaleza, y se han aislado de muestras de suelo, agua del mar y ríos (Banat *et al.*, 2004; Sliman *et al.*, 1987). El género se detectó en 10 muestras de sedimento (dos de mar) y en 12 muestras de agua (ocho de ciénaga) (figuras 19 y 20).

A este género pertenecen especies patógenas como *Bacillus anthracis*, causante del ántrax, que dependiendo de la cepa puede ser altamente virulenta (Helgason *et al.*, 2000; Schuch & Fischetti, 2009); el ántrax o carbunco, es una enfermedad de tipo zoonótica, que, aunque en humanos no es frecuente, se puede adquirir por contacto directo con el animal infectado (Ledermann, 2003). Esta especie, aunque es común en la naturaleza en muestras de suelo, no se encontró reporte en la literatura en muestras de agua y sedimento de zonas costeras, ni de lagunas costeras; los hallazgos de este estudio, reporta que *B. anthracis* se detectó en “todas las muestras” en los dos medios, menos en el desagüe de la granja camaronera, LANRESC punto 3 y Bajo de 10 agua.

Otra especie *Bacillus* es *B. cereus*, causante común de intoxicaciones alimentarias (Helgason *et al.*, 2000), igualmente ubicuas en la naturaleza. Han sido reportadas en las costas de India, Sri Lanka y Marruecos (Belattmania *et al.*, 2016; Liyanage & Manage, 2016; Parvathi *et al.*, 2009) y en manglares de Tailandia (Chantarasiri, 2015). En la investigación se presentó tanto en costa marina como en mar adentro y ciénaga, en nueve puntos en los dos medios (Bajo de 10, puerto de abrigo mar, UMDI, puerto de abrigo mirador, puerto de abrigo laguna, cerca de la población (borde habitado), La Bocana fondo medio, La Bocana fondo profundo y ojo de agua anidamiento de aves), tres en sedimento (oeste del muelle, cerca de la estación de gasolina y La Bocana entrada) y cinco en agua (LANRESC punto 5, este del muelle, desagüe granja camaronera, periferia basurero y ojo de agua La Carbonera). En la actualidad, *B. cereus* es usado como agente de control biológico (pesticida), producción de antibióticos, biorremediación de hidrocarburos y metales y producción de bioetanol (Al-Baldawi *et al.*, 2017; Arafa *et al.*, 2016; Jacobsen *et al.*, 2004; Mukherjee *et al.*, 2017; Shameer,

2016; Shubhra *et al.*, 2016; Silo-Suh *et al.*, 1994; Zhang *et al.*, 2016; Zhao *et al.*, 2009).

El género *Brucella* son cocobacilos Gramnegativos, aerobios estrictos, que pueden considerarse parásitos para el hombre y los animales; produce la enfermedad llamada brucelosis (enfermedad zoonótica) (Freer & Castro, 2001). No se encontraron reportes en la literatura en muestras ambientales del género o de *Brucella abortus*. Se encontró información de la especie *B. Melitensis* (reportada en México), que no fue de interés dentro de esta investigación, pero sí muy afín, ya que puede contaminar el ambiente con el aborto de un bovino infectado, por escorrentías de donde habitan (bebedero y excreciones), al igual que por su leche y derivados, los cuales pueden llegar al suelo y fuentes de agua cercanas; se relacionan otros animales como perros, borregos y cabras (López, s.f.). El principal anfitrión de la *B. abortus* es el ganado vacuno (Godfroid, 2002; Halling *et al.*, 2005). Como género se presentó en una muestra de sedimento (cerca de la población) y en una de agua (La Bocana fondo profundo); esta última, concuerda con una de las muestras en las que fue determinada la especie de interés *B. abortus*, adicionalmente se detectó en agua en dos puntos de ciénaga (La Bocana fondo medio y ojo de agua anidamiento de aves) y uno en la costa marina (LANRESC punto 3).

Los organismos pertenecientes al género *Burkholderia*, son bacilos Gramnegativos, con metabolismo aerobio (de Mesa *et al.*, 2006). Se reportan 34 especies pertenecientes, algunas de ellas patógenas, y se encuentran distribuidos ampliamente en la naturaleza (Payne *et al.*, 2005). Como género se detectó en 13 muestras de sedimento y 13 muestras de agua, ausente en el punto del puerto de abrigo mar (figura 19 y 20). En este género hay tres especies de interés: *Burkholderia cepacia*, *Burkholderia mallei* y *Burkholderia pseudomallei*. Son usados como agentes de control biológico, en biorremediación y en agricultura (Coenye & Vandamme, 2003).

La *Burkholderia cepacia* tiene alta capacidad adaptativa, y es resistente a varios antibióticos (Jain & Bajpai, 2012); puede causar infecciones oportunistas en plantas, animales y en pacientes con fibrosis quística (Mahenthiralingam *et al.*, 2008). Ha sido recuperada en muestras de agua y superficies húmedas, incluyendo lagunas costeras en Brasil, zonas costeras de Croacia y del golfo de México (Koo *et al.*, 2014; Lemes *et al.*, 2008; Maravić *et al.*, 2012), esta cepa se identificó solo en la muestra de periferia al basurero. *B. cepacia* es usada en la producción de antibióticos,

y degradación de hidrocarburos aromáticos, mas su uso en biorremediación es restringido (de Mesa *et al.*, 2006; Jain & Bajpai, 2012; Schmidt *et al.*, 2009).

Burkholderia mallei es el agente etiológico del muermo, enfermedad de caballos, mulas y asnos, la cual puede transmitirse por ingestión e inhalación a los humanos - arma biológica en la primera guerra mundial - (Coenye & Vandamme, 2003). El reservorio de esta especie son los equinos y no sobrevive en el medio ambiente (Ou *et al.*, 2005); En la investigación se detectó en una muestra de sedimento de mar (Bajo de 10) y ocho puntos de ciénaga (agua: puerto de abrigo mirador, cerca de la estación de gasolina y cerca de la población (borde habitado); sedimento: La Bocana entrada, La Bocana fondo profundo, ojo de agua anidamiento de aves y ojo de agua La Carbonera; en los dos medios: puerto de abrigo laguna).

Burkholderia pseudomallei es un saprofito ambiental, endémico del sureste de Asia, norte de Australia y algunas regiones en el Ecuador; en este estudio se presentó en “todas las muestras”, en los dos medios. Causa melioidosis tanto en humanos como en animales; puede adquirirse por ingesta, inhalación y contacto en heridas expuestas tanto en el agua como en el suelo (Ou *et al.*, 2005). La enfermedad puede tardar en desarrollarse varios años tras la inhalación del contaminante - los soldados de Vietnam enfermaron 26 años después - (Holden *et al.*, 2004).

Campylobacter es un género Gramnegativo, microaerófilo o anaeróbico, tiene 16 especies y 6 subespecies, y la mayoría se asocia como agentes etiológicos humanos a nivel gastrointestinal. La fuente de infecciones principal son alimentos contaminados, consumo de agua, animales domésticos y aves silvestres (Ramos *et al.*, 2010; Santos *et al.*, 2012); se reportan como flora normal de aves de corral, cerdos y ganado (On & Jordan, 2003). Se han detectado en el Mediterráneo occidental (Ramos *et al.*, 2010) y en playas de la costa de California (Yamahara *et al.*, 2012). *Campylobacter* se identificó en todas las muestras incluyendo el ojo de agua La Bocana; contraste a las especies patógenas de interés, que se presentaron aleatoriamente en las muestras, evidenciando la presencia de otras especies de este género en los puntos analizados.

Las especies *Campylobacter coli* y *Campylobacter jejuni*, al igual que las otras especies *Campylobacter* son patógenos normalmente aislados del tracto gastrointestinal de mamíferos y aves (OIE, 2008; On & Jordan, 2003).

Su identificación en zonas costeras está relacionada con la presencia de aves, pues son un reservorio importante de estas (Kapperud & Rosef, 1983; Santos *et al.*, 2012; Waldenström *et al.*, 2002). Existen reportes en las costas de Finlandia, y Nueva Zelandia (Hörman *et al.*, 2004; Sinton *et al.*, 2007); no se encontró referencias acerca de su detección en lagunas costeras, más si se reporta en los resultados de esta investigación. Se detectó *Campylobacter coli*, en tres muestras de costa marina (puerto de abrigo mar, LANRESC punto 5 y UMDI, los tres en agua, y este último también en sedimento) y tres de ciénaga (Sedimento: cerca de la población y ojo de agua anidamiento de aves; agua: ojo de agua La Carbonera). *Campylobacter jejuni* solo se detectó en ciénaga, en cerca de la población borde habitado en el agua y en el sedimento del fondo medio y profundo de La Bocana; *Campylobacter fetus* estuvo presente en el puerto de abrigo mar en agua y en ojo de agua anidamiento de aves en el sedimento.

Los integrantes del género *Chlamydia* son pequeñas bacterias Gramnegativas, consideradas como parásitos obligados; causan una gran variedad de enfermedades como neumonía, conjuntivitis, enfermedades de transmisión sexual y zoonóticas (Rahman *et al.*, 2005). Los reportes de identificación de este género se concentran en muestras de humanos y de animales. Ha sido identificado en muestras ambientales de agua de ríos y suelo (Lee *et al.*, 1996; Thomas *et al.*, 2006). Se detectó en la muestra de puerto de abrigo mar en el agua y en La Bocana entrada en sedimento.

Chlamydia psittaci es un patógeno relacionado con las aves en general, tanto de corral, mascotas como silvestres, siendo ellas reservorio del patógeno; pueden ser asintomáticas y dispersarlo por medio de secreciones y exudados al ambiente (Knittler & Sachse, 2015; Monsalve *et al.*, 2011). Se relaciona con la enfermedad zoonótica psitacosis u ornitosis, la cual es adquirida por inhalación (Knittler & Sachse, 2015); también se puede adquirir por ingesta de agua o alimentos contaminados, contacto con fómites y de persona a persona (poco frecuente) (FSPH, 2009); puede producir en los humanos desde cuadros similares a una gripa hasta encefalitis, neumonías y endocarditis (Monsalve *et al.*, 2011). Por su fácil transmisión Estados Unidos la ha clasificado como agente bioterrorista. Se ha registrado este patógeno en aves de Brasil, Australia, Eslovenia, Islas Faroe y Colombia (Monsalve *et al.*, 2011), en general en zonas tropicales y subtropicales de todo el mundo (FSPH, 2009). Esta especie ha sido identificada en muestras de suelo en Australia (Liesack & Stackebrandt, 1992), mas no se encontró un reporte específico de ambientes costeros. En

la investigación, se detectó como especie solo en el sedimento de La Bocana entrada.

Clostridium es un género de bacterias Grampositivas, anaerobias obligadas, formadoras de endoesporas. A este género pertenecen algunas especies patógenas como *Clostridium botulinum*, *Clostridium perfringens*, *Clostridium tetani* y *Clostridium difficile*; también tiene otras especies benignas, la mayoría con aplicaciones biotecnológicas (Heap *et al.*, 2007; Heap *et al.*, 2009). Este género se encontró presente en todas las muestras de la investigación en los dos ambientes (figura 17 y 18). Su abundancia relativa en el agua del puerto de abrigo laguna supero a los demás agentes etiológicos presentes en este medio (todas menores a 200 ‰), por lo cual la escala a nivel grafico se ajustó, teniendo este un valor de 426 ‰ de abundancia (figura 19).

Clostridium botulinum es una especie de bacteria común en el suelo, productora de la toxina botulínica, causante del botulismo (Smith, 1978). Se ha identificado en muestras de sedimento marino en Groenlandia, y en el agua de mar en Dinamarca (Huss, 1980). En este estudio se encontró esta especie en “todas las muestras” en los dos ambientes. La toxina botulínica A producida por estas bacterias, representa un especial interés para la industria cosmética, también tiene aplicaciones a nivel médico (oftalmología, neurología y dermatología) (Ting & Freiman, 2004).

Clostridium perfringens se encuentra ampliamente distribuida en el ambiente; algunas detecciones se han hecho en el suelo, agua, alimentos, y en los intestinos del ser humano y otros animales. La patogenicidad de esta especie se asocia con la producción de diversas toxinas (Lindström *et al.*, 2011); dentro de las patologías que se le atribuyen está la gangrena gaseosa, intoxicaciones alimentarias, y enteritis necrosante. Los reportes que se encontraron de la presencia de esta especie contemplan, muestras de sedimento costero al sureste de Estados Unidos, agua de mar en el Pacifico mexicano, agua de una laguna costera en Brasil y el sedimento de una laguna costera en Italia (Curiel *et al.*, 2012; Di Bonito *et al.*, 2013; González *et al.*, 2010; Mohammed *et al.*, 2012). De las muestras trabajadas, se encontró en Bajo de 10 sedimento y en dos de la costa marina: UMDI y puerto de abrigo mar en sedimento y esta última también en agua; en ciénaga, en seis puntos, uno en sedimento (puerto de abrigo laguna), una en agua (ojo de agua La Carbonera) y cuatro en los dos ambientes (cerca de la población, La Bocana entrada, Bocana fondo profundo y ojo de agua

anidamiento de aves). *C. perfringens* se ha reportado en biorremediación de áreas contaminadas con compuestos nitroaromáticos (Guerrero, 2012).

Clostridium tetani es el agente etiológico del tétanos, que es ocasionado por una neurotoxina (tetanoespasmina) producida por esta especie; la principal vía de transmisión es por contacto de heridas abiertas con tierra, polvo o heces contaminadas (Gavilán *et al.*, 2011). Se ha identificado en muestras de suelo en Indonesia y cerca del mar Negro en Rusia (Pasechnik *et al.*, 1981; Tempark *et al.*, 2013). Esta especie en el trabajo se detectó en Bajo de 10, cuatro puntos de la costa marina, uno en sedimento (oeste del muelle), uno en agua (LANRESC punto 5) y dos en ambos medios (puerto de abrigo mar y UMDI); En la ciénaga, se halló en todas las muestras incluido el ojo de agua La Bocana, tanto en agua como en el sedimento subyacente, menos en las muestras de cerca de la estación de gasolina y La Bocana fondo profundo en las que solo se detectó en sedimento. *C. tetani* ha demostrado la capacidad de reducir herbicidas como el trifluralin, lo que la hace útil en procesos de biorremediación (Erguven & Bayhan, 2016).

Peptoclostridium difficile (*Clostridium difficile*) es el principal responsable de la patología conocida como colitis pseudomembranosa; son bacterias ampliamente distribuidas en la naturaleza, principalmente en el suelo. Se transmite de persona a persona vía fecal-oral (Kelly *et al.*, 1994; Leffler & Lamont, 2015). Se encontraron reportes de su identificación en muestras de agua y sedimento de zonas costeras al oeste de Inglaterra (Al-Saif & Brazier, 1996). Esta especie estuvo presente en “todas las muestras” menos en el agua de Bajo de 10. En la revisión realizada no se encontraron aplicaciones biotecnológicas.

La única especie del género *Coxiella*, es *C. burnetii*; organismo Gramnegativo, pleomórfico, asociados a la enfermedad conocida como Fiebre Q (Klyachko *et al.*, 2007). Es una enfermedad zoonótica de importante atención en todo el mundo, los animales de granja se consideran como los principales reservorios de la bacteria (Shabbir *et al.*, 2016). Los animales infectados, pueden diseminar varias células de *C. burnetii* al ambiente en eventos como los partos. En el medio estas bacterias mantienen su capacidad de infección por largos periodos (Kersh *et al.*, 2013). Los humanos pueden infectarse por la inhalación de partículas de polvo contaminadas en el aire, por contacto directo con leche, orina y heces de animales portadores, y por garrapatas como vectores (Kazar, 2005; Kim *et al.*, 2005; Zhang, X. *et al.*, 2011). En términos generales, esta especie se

encuentra ampliamente distribuida en el medio ambiente (Kersh *et al.*, 2010), se ha reportado en muestras de agua y sedimento marino, y en un lago salino en India (Dudhagara *et al.*, 2015; Xu *et al.*, 2007). No se encontraron reportes de detecciones en lagunas costeras, ni de aplicaciones biotecnológicas adjudicadas a la especie. En el estudio se encontró en “todas las muestras”, dos de ellas solo en un medio (ojo de agua anidamiento de aves, en el agua y cerca de la estación de gasolina en sedimento).

La ehrlichiosis, es el nombre que reciben las infecciones causadas por los géneros *Ehrlichia*, *Anaplasma* y *Neoehrlichia*. Estos géneros tienen en común un ciclo entre el vector que son las garrapatas, y animales vertebrados contemplando al humano (Bakken & Dumler, 2015). *Amblyomma americanum* es el vector de *E. chaffeensis* (ehrlichiosis monocítica humana – EMH) (Eisen *et al.*, 2013) y *E. ewingii* (ehrlichiosis ewingii humana - HEE), reportadas solamente en América del Norte, pero con referencias que hay evidencias en América del Sur y Asia (Bakken & Dumler, 2015; Merck Sharp & Dohme Corp, 2016). La contaminación de los medios por *Ehrlichia* se atribuye a algunas especies de animales silvestres (Dawson *et al.*, 1994) y por rumiantes domésticos (Alekseev *et al.*, 2001). No se encontró reportes de estas especies en el ambiente, ni alguna aplicación industrial o biotecnológica. *Ehrlichia* fue detectada como género en 12 muestras de agua y 12 muestras de sedimento (figura 19 y 20); como especie se detectó en “todas las muestras” de costa marina y ciénaga, la mayoría en los dos medios a excepción de LANRESC punto 3, LANRESC punto 5 y La Bocana fondo medio que solo se reportaron en agua.

El género *Enterococcus* son bacterias Grampositivas anaerobias; pertenecen importantes especies patógenas para humanos (Moellering, 1992; Murray, 1990), dos de ellas, hacen parte de la flora intestinal y también de otros animales (Layton *et al.*, 2010), por lo cual son usadas como indicadores para monitorear la contaminación fecal de las aguas, ente ellas las recreativas (Noble *et al.*, 2003). Han sido reportadas en una variedad de ambientes, en particular *Enterococcus faecalis*, especie que ha sido identificada en zonas costeras del sur de California en Estados Unidos, en Marruecos y Hawaii (Ferguson *et al.*, 2005; Halliday & Gast, 2011; Ibtissam *et al.*, 2009). Se detectó la especie *E. faecalis* en “todas las muestras” en los dos ambientes menos en bajo de 10. Se ha demostrado su uso en procesos de biorremediación, como probiótico y fermentador en la industria

alimenticia, también para el tratamiento de acné (Centeno *et al.*, 1999; Domann *et al.*, 2007; Kang *et al.*, 2009)

El género *Francisella* son cocobacilos Gramnegativos. Pertenece la especie de interés *Francisella tularensis*, microorganismo responsable de la tularemia. Esta se puede adquirir por la picadura de un vector (artropodo), contacto con un animal infectado, ingestión de agua y alimentos contaminados e inhalación (Ellis *et al.*, 2002; Gaci *et al.*, 2017). Puede acusar enfermedad con exposición más bajas a 10 organismos, razón por la que está entre los programas de armas biológicas (Barns *et al.*, 2005). Los reportes se tienen en el hemisferio norte, frecuentes de las subespecies *F. tularensis subsp. tularensis* con presencia en América del Norte, y *F. tularensis subsp. holarctica* en Europa, Asia y América del Norte (Gaci *et al.*, 2017). Se cree que la presencia en el medio ambiente se debe a mamíferos terrestres y acuáticos; también puede persistir en el agua por asociación con amebas (Ellis *et al.*, 2002). Se ha reportado en suelo y agua de pantano (Barns *et al.*, 2005). Dentro de las muestras se detectó como especie en la muestra de cerca de la población (borde habitado) en el agua; como género se detectó en seis muestras de agua de ciénaga y tres de sedimento, una de ellas en mar abierto (figura 19 y 20).

Helicobacter es un género de bacterias Gramnegativas, microaerofilas, considerado bacterias ubicuas, flageladas y de crecimiento lento (Kidd & Modlin, 1998; Morales *et al.*, s.f.); contiene alrededor de 35 especies, siendo *Helicobacter pylori* la más representativa (Hooi *et al.*, 2017). En muestras ambientales *H. pylori* se ha reportado en zonas costeras de Japón, Italia, Puerto Rico y Trinidad (Carbone *et al.*, 2005; Holman *et al.*, 2014; Sugita *et al.*, 1993). No se encontraron reportes específicos de identificación en muestras de agua o sedimento en lagunas costeras; se ha establecido una estrecha relación de estas bacterias con aves silvestres y de corral, siendo estas una fuente de contaminación de los ambientes donde habitan (Santos *et al.*, 2012). *Helicobacter pylori* es uno de los microorganismos que se detectó en “todas las muestras” en los dos medios. Se calcula que esta bacteria infecta a la mitad de la población humana en el mundo, pero solo algunos desarrollan la sintomatología (Bravo *et al.*, 2002), la cual posteriormente puede desencadenar enfermedades como gastritis duodenal, úlcera, y en algunos casos cáncer gástrico y enfermedades coronarias (Cellini *et al.*, 2004; Mendall *et al.*, 1994; Morales *et al.*, s.f.). Entre las vías de transmisión están contacto directo persona a persona, y el consumo de agua y alimentos contaminada con heces (Cellini *et al.*,

2004). No se encontró en la revisión aplicaciones biotecnológicas o industriales.

Klebsiella es un género de bacterias inmóviles, Gramnegativas, anaerobias facultativas, con cápsula de polisacáridos (Gavilán *et al.*, 2011). Hace parte del grupo de coliformes totales usados como indicadores de contaminación (Herrera & Suárez, 2005; Barati *et al.*, 2016). Es posible encontrarlo en muestras de tierra, agua, también en la flora de la piel, nasofaringe e intestino de los humanos, y en el tracto intestinal de animales (Hardina & Fujioka, 1991; Kloos & Musselwhite, 1975; Podschun *et al.*, 2001; Ylikoski *et al.*, 1989, Wang *et al.*, 1996). Comúnmente se asocia con casos de infecciones nosocomiales en vías respiratorias y del sistema urinario (Ferreira *et al.*, 2005; Rodríguez *et al.*, 2006).

Dentro del género, la especie *Klebsiella pneumoniae* es el principal agente etiológico de las infecciones mencionadas. En el medio ambiente, se reporta identificada en muestras de agua y sedimento en Turquía, noreste de Estados Unidos, China y Francia (Dufour & Cabelli, 1975; Kueh *et al.*, 1992; Matyar *et al.*, 2008; Robert *et al.*, 2017); también en manglares y lagunas costeras de Malasia, China y Belice (Barati *et al.*, 2016; Romero *et al.*, 2015; Zhou *et al.*, 2015). En la búsqueda de esta especie, se detectó en tres muestras de costa marina, una en sedimento (puerto de abrigo mar) y dos en agua (UMDI y LANRESC punto 5); y tres de ciénaga en agua (puerto de abrigo mirador, puerto de abrigo laguna y ojo de agua anidamiento de aves). En biotecnología *K. pneumoniae* es de interés por su capacidad de producir un exopolisacárido (EPS), cuyas características reológicas son de interés a nivel industrial (Paul *et al.*, 1995).

Listeria es un género Grampositivo, aerobio, ubicuo en el ambiente y saprofito (Gavilán *et al.*, 2011; Gorski *et al.*, 2016; Molla *et al.*, 2017). El género ha sido detectado en agua y sedimento de ríos (Bradshaw *et al.*, 2016). *Listeria monocytogenes* es la especie más representativa del género; a diferencia de otros patógenos tolera temperaturas de refrigeración (Molla *et al.*, 2017), es una bacteria oportunista, que infecta ancianos, niños y pacientes inmunocomprometidos. Produce una enfermedad llamada listeriosis, que puede llevar a meningitis, encefalitis y septicemias entre otros (López *et al.*, 2006). Se adquiere principalmente por la ingestión de productos contaminados, también por el medio ambiente o por contacto con animales contaminados (Benito *et al.*, 2017; Lakicevic & Nastasijevic, 2017). Algunos hospederos son los insectos, mamíferos, aves, peces y crustáceos

(Gavilán *et al.*, 2011). Se ha reportado esta especie en agua, sedimento y peces marinos en Marruecos (Poharkar *et al.*, 2017); en muestras ambientales de agua de mar y de estuarios del golfo de México, en la costa pacífica de Estados Unidos y en el mar Amarillo en China (Ding *et al.*, 2014; Gorski *et al.*, 2016; Rodas *et al.*, 2006), también en sedimentos de lagunas costeras en Arabia Saudita (Al-Amoudi *et al.*, 2016). En el estudio se detectó solo en sedimento, una en costa marina, puerto de abrigo mar, y dos en ciénaga: puerto de abrigo laguna y La Bocana fondo medio.

El género *Mycobacterium* está formado por bacilos Grampositivos, aerobios inmóviles, no esporulados; ubicuos en la el suelo y el agua. Este género comprende cerca de 170 especies, algunas de las cuáles son patógenas y causan graves enfermedades en los mamíferos como tuberculosis y lepra (Delafont *et al.*, 2017; Gavilán *et al.*, 2011); pueden ser parásitos obligados o patógenos oportunistas (Rodríguez *et al.*, 2003). El género se detectó en agua en 11 muestras, y en sedimento en 12 (figura 19 y 20).

Dentro de las especies patógenas de este género se encuentra *Mycobacterium avium*, común en el medio ambiente; causa infecciones respiratorias y gástricas cuando se inhalan o ingieren (Babrak *et al.*, 2015; Waddell *et al.*, 2016). En muestras ambientales ha sido identificado en muestras de agua de mar en la costa sureste de Estados Unidos (Gruft *et al.*, 1981). En el estudio se detectó en el sedimento de Bajo de 10 y de tres muestras de la costa marina (UMDI, LANRESC punto 3 y 5), y dos en agua (puerto de abrigo mar y desagüe de la granja camaronera); en la ciénaga se halló en “todas las muestras”, seis puntos en agua (puerto de abrigo mirador, cerca de la población, periferia al basurero, La Bocana entrada y fondo medio y ojo de agua La Carbonera), uno en sedimento (cerca de la estación de gasolina) y tres en los dos medios (puerto de abrigo laguna, La Bocana fondo profundo y ojo de agua anidamiento de aves). Se ha descrito su uso en biorremediación en áreas contaminadas con hidrocarburos (Head *et al.*, 2006).

Mycobacterium kansasii es una especie que se ha encontrado en el suelo, agua, productos animales y otros alimentos. Es asociada a infecciones respiratorias en pacientes inmunosuprimidos (Rodríguez *et al.*, 2003). En muestras ambientales se ha identificado en diferentes reservorios de agua potable en Estados Unidos (Covert *et al.*, 1999). Se halló en cuatro muestras: una de agua de costa marina (puerto de abrigo mar) y tres de sedimento de ciénaga (puerto de abrigo mirador y laguna y cerca de la

estación de gasolina). Se sugiere un posible uso en procesos de bioremediación de hidrocarburos (Wang *et al.*, 1995).

Mycobacterium tuberculosis es el agente etiológico de la tuberculosis. Su reservorio más representativo es el ser humano, y la transmisión se da persona a persona, aunque se consideran ubicuos en el agua y el suelo (Berrueta, 2016; Morris *et al.*, 2016). Solo se encontró un reporte de identificación en muestras de suelo en Alemania (Nacke *et al.*, 2011), los otros reportes no son directos del medio, son en algunos animales silvestres como leones y lobos marinos en el Atlántico argentino, (Bastida *et al.*, 1999; Bernardelli *et al.*, 1996). En el estudio se detectó en “todas las muestras” en los dos medios, con excepción de Bajo de 10 y LANRESC punto 3 solo en sedimento y ojo de agua La Carbonera en agua. Se usa en biorremediación de áreas contaminadas con hidrocarburos (Head *et al.*, 2006).

Mycobacterium xenopi, se encuentra en el ambiente en agua, sedimento y aerosoles; los pájaros se han considerado como reservorios. Esta especie es causante de enfermedades pulmonares en pacientes inmunosuprimidos (Jiva *et al.*, 1997). En la investigación *M. xenopi* se detectó en costa marina y ciénaga, tanto en agua como en sedimento; en agua: desagüe de la granja camaronera, periferia del basurero, La Bocana fondo medio y ojo de agua La Carbonera; en sedimento: Bajo de 10, UMDI y LANRESC punto 3; y en los dos ambientes: puerto de abrigo mar, LANRESC punto 5, puerto de abrigo mirador y laguna, cerca de la estación de gasolina, cerca de la población, La Bocana entrada y fondo profundo. En la literatura se encontró un reporte de identificación en muestras de agua potable (Alugupalli *et al.*, 1992).

Pseudomonas spp. es un género Gramnegativo de bacilos flagelados, que pueden producir toxinas, por lo cual todas sus especies son patógenas (*P. fluorescens*, *P. putida*, *P. Syringae*, *P. Alcaligenes* y *P. Aeruginosa* entre otras), algunas lo son para los humanos, otras para las plantas e invertebrados (Gavilán *et al.*, 2011; Soberón, 2010). Se han encontrado en el agua de la costa oeste y suroeste de India, en el Atlántico, en agua y sedimento en la costa de Caleta Olivia (Patagonia), en el sedimento de una laguna en Italia, y en sedimento y agua de la costa de Tel Aviv (Ghinsberg *et al.*, 1993; Mohideen *et al.*, 2016; Pasumarthi *et al.*, 2013; Pepi *et al.*, 2011; Pucci, 2009). En esta investigación se encontró en todas las muestras incluida el ojo de agua La Bocana, menos en el sedimento de LANRESC punto 3. En el punto de cerca de la población (borde habitado), la

abundancia relativa fue tan alta (474 ‰/‰) respecto a los demás agentes etiológicos en las muestras de agua (todas menores a 100 ‰/‰), que la escala se tuvo que ajustar para poder ver mejor el comportamiento del resto de las muestras (figura 20).

Pseudomonas aeruginosa es ubicua y saprofita en el ambiente, se ha detectado tanto en el suelo, como en fuente de aguas (prístinas o contaminadas), vegetales, alimentos refrigerados, combustibles, soluciones asépticas y heces de humanos entre otros. Las personas más susceptibles a este microorganismo son las inmunocomprometidas, con heridas o con inserción de dispositivos médicos. Se puede adquirir por contacto con material contaminado o por contacto con secreciones de personas infectadas (Gavilán *et al.*, 2011; Hardalo & Edberg, 1997; Soberón, 2010). *P. aeruginosa* se ha reportado en el agua de la laguna Douala en Camerún, y en muestras de mar (Akoachere *et al.*, 2008; Lee *et al.*, 2013). Como especie se detectó dentro del estudio en agua de la costa marina en la UMDI y desagüe granja camaronesa, y en sedimento, en el puerto de abrigo mar y oeste del muelle; en la ciénaga, en “todas las muestras” menos en puerto de abrigo mirador y cerca de la estación de gasolina, en las muestras de agua en periferia al basurero y ojo de agua La Carbonera, en sedimento La Bocana entrada y fondo profundo, y en los dos medios, en puerto de abrigo laguna, cerca de la población, La Bocana fondo medio y ojo de agua anidamiento de aves. Esta especie tiene aplicaciones a nivel de biorremediación, en aguas contaminadas con metales, hidrocarburos, pesticidas, antibióticos y en la producción de biosurfactantes (Barragán *et al.*, 2007; Bojórquez *et al.*, 2016; Cong *et al.*, 2014; Pasumarthi *et al.*, 2013; Pepi *et al.*, 2005; Pérez *et al.*, 2007; Šabic *et al.*, 2015; Soberón, 2010; Zhang, Z. *et al.*, 2011).

Los microorganismos pertenecientes al género *Salmonella*, son bacilos Gramnegativos, aerobios y anaerobios facultativos (Gavilán *et al.*, 2011), muy extendidos por la naturaleza (crece en ambientes salados), y son comunes en la flora bacteriana de los intestinos de los seres humanos, y otros animales como mamíferos domésticos y salvajes, reptiles, aves e insectos (Linares *et al.*, 2017; Parra *et al.*, 2002). Como género se detectó en dos muestras, las dos en agua, una en La Bocana fondo medio y otra en el puerto de abrigo mar. A él pertenecen dos especies *S. bongori* y *S. entérica*, la primera no tiene carácter patógeno, la segunda sí; tiene varias subespecies y todas son patógenas; producen una enfermedad muy común conocida como salmonelosis, que es transmitida por el consumo de

alimentos contaminados (Davidson *et al.*, 2015; Linares *et al.*, 2017; Parra *et al.*, 2002). Aunque no es una bacteria nativa de los ecosistemas, está en el ambiente, y puede llegar por afluentes de aguas residuales contaminadas con heces o por la defecación de los animales que allí viven (OPS, s.f.b; Martinez *et al.*, 2004).

En el caso específico de *Salmonella entérica serovar Typhi*, es una de las causantes de la fiebre tifoidea, enfermedad infecciosa caracterizada por un cuadro febril alto (Calva, s.f.). Quienes la han padecido, pueden continuar excretando la bacteria por más de un año (Cardona *et al.*, 2007). En el ambiente se han identificado en muestras de peces de aguas costeras del caribe mexicano, en esponjas marinas del suroeste de la India, en muestras de agua de la costa de Malasia, y en muestras de agua y sedimento de un manglar en India (Ahmad *et al.*, 2014; Jorgel *et al.*, 2016; Krishnan & Keerthi, 2016; Poharkar *et al.*, 2016). Esta especie solo se detectó en la muestra de agua de puerto de abrigo mar.

El género *Shigella* son bacterias Gramnegativas, no encapsuladas, ni esporógenas e inmóviles, y pueden producir enterotoxinas (toxina de Shiga) (Escobar *et al.*, 2015; Gray *et al.*, 2015). Se considera como un patógeno humano, que causa la enfermedad llamada shigellosis; cuando infecta el tracto gastrointestinal, la infección se puede dar por transmisión fecal-oral, la cual puede darse de persona a persona, por alimentos o por agua, todos ellos contaminados (Killackey *et al.*, 2016). Las *Shigella* spp. han sido identificadas en el ambiente en muestras de agua y sedimento de la zona costera oeste de India, en ostiones del golfo de México, en muestras de agua costera de Pakistan, y en sedimentos de las costas de Polonia (Mudryk *et al.*, 2014; Reyes *et al.*, 2017; Rodrigues *et al.*, 2011; Shaheen *et al.*, 2016). *Shigella* spp. se detectó en este trabajo en el sedimento costero marino del oeste del muelle y en la muestra de agua del puerto de abrigo mirador. Algunas especies de *Shigella* pueden ser usadas en procesos de biorremediación al ser capaces de degradar algunos pesticidas (Yang *et al.*, 2011).

Staphylococcus es un género de bacterias Grampositivas, normalmente se encuentra en la piel y membranas mucosas del ser humano y otros animales (Melo *et al.*, 2014). Es considerado como la principal causa de infecciones nosocomiales y de infecciones adquiridas en la comunidad (Abouelfetouh *et al.*, 2016). De este género la especie mejor conocida es *Staphylococcus aureus*, causante de una amplia gama de infecciones

severas (Tong *et al.*, 2015), aunque el ser humano es su reservorio natural (Vaca, 2016); también se ha identificado en muestras ambientales, como en el agua de mar en Israel, India e Islandia (Pabba *et al.*, 2017; Philippe *et al.*, 2016; Zeng *et al.*, 2014), de igual forma, en el sedimento marino en el Ártico y en la costa oeste de Estados Unidos (Goodwin *et al.*, 2012; Yuan *et al.*, 2014); también se ha reportado en agua y sedimento de un manglar en Brasil (Grisi & Gorlach, 2010). A nivel de género y como especie, en este estudio se detectó en todos los puntos, en los dos medios. *S. aureus* es de interés en biorremediación, se ha reportado que la especie tiene la capacidad de degradar algunos colorantes como el rojo de metilo (Abioye *et al.*, 2015).

Los organismos del género *Streptococcus* son organismos Grampositivos, esféricos, y muchos de ellos son anaerobios facultativos (Póntigo *et al.*, 2015). Cuenta con 104 especies reconocidas (Andam & Hanage, 2015), las cuales se encuentran distribuidas en la naturaleza, habitando en una amplia gama de ambientes, no sólo como patógenos, sino también como parte de la microbiota normal de humanos y otros animales (Amal *et al.*, 2013; Andam & Hanage, 2015; Richards *et al.*, 2014). Dentro de las especies patógenas de este género, está *Streptococcus pneumoniae* o neumococo; aunque su reservorio natural es el ser humano, y es común encontrarlo en el tracto respiratorio superior, es el principal causante de enfermedades como: otitis, sinusitis, neumonía y meningitis (Ramos *et al.*, 2014). Su transmisión se da persona a persona, por exposición directa a los fluidos del sistema respiratorio de la nariz o boca de una persona infectada, como por microgotas de saliva (Preado, 2001). Dentro de la literatura revisada, no se encontraron reportes de esta especie en ambientes similares a los estudiados. *S. Pneumoniae* se detectó en los dos medios, en todos los puntos muestreados, incluyendo el ojo de agua La Bocana.

El género *Vibrio* es un grupo muy diverso de bacterias Gramnegativas, contiene cerca de 72 especies, entre ellas unas son de vida libre, y otras son simbioses y comensales relacionados con la fauna marina. Algunas de estas especies son patógenas (Tarr *et al.*, 2007). Como género se detectó en todas las muestras de agua a excepción de las muestras cerca de la estación de gasolina, LANRESC punto 3, ojo de agua La Bocana; en sedimento, de las 15 muestras se halló en 13, reportando ausencia en LANRESC punto 3 y LANRESC punto 5.

Vibrio alginolyticus, son bacterias halófilas, ubicuas en el mar y estuarios, por lo general de aguas costeras templadas y tropicales; es común aislarlo de una amplia gama de animales marinos, por lo que el ser humano puede sufrir una gastroenteritis por el consumo de estos animales, crudos o mal cocidos, o una infección local por el contacto de heridas expuestas a agua contaminada, así como infecciones en los oídos y ojos (Gómez *et al.*, 2014; Zavala, A. *et al.*, 2005). En el ambiente se ha identificado en muestras de agua de una laguna costera sobre el golfo de México, agua de mar en Italia, agua y sedimento marino en una bahía en Japón, y agua de un estuario en Francia (Barbieri *et al.*, 1999; Chávez *et al.*, 2005; Hervio *et al.*, 2002; Narracci *et al.*, 2014; Urakawa *et al.*, 2000). Esta especie solo se detectó en el agua de la muestra de la periferia al basurero. Su uso biotecnológico se asocia a la producción de proteasas (serina alcalina) usada en la fabricación de biodetergentes, también se ha demostrado que ofrece protección a peces como el salmón y el rodobayo ante otros patógenos (Austin *et al.*, 1995; Figueroa, 2005; Gatesoupe, 1997).

Vibrio cincinnatiensis se encuentra presente en aguas dulces y salobres (Zhong *et al.*, 2009). Su patogenicidad se asocia a infecciones con septicemia y meningitis en pacientes hospitalizados, también se reportan infecciones de heridas y oídos (Bode *et al.*, 1986). se encuentra en el agua de mar y en animales marinos; específicamente en el ambiente se han reportado presentes, en agua y sedimento de un estuario y en agua de mar en Estados Unidos, también en peces marinos en Brasil (Gómez *et al.*, 2014; Heidelberg *et al.*, 2002; Nascimento *et al.*, 2014; Zhong *et al.*, 2009). En la investigación se detectó en el agua del este del muelle, puerto de abrigo mirador y cerca de la estación de gasolina. No se encontraron reportes de aplicaciones biotecnológicas o industriales.

Vibrio cholerae es el agente etiológico del cólera en humanos, se adquiere a través de la ingestión de alimentos o agua contaminados (Gómez *et al.*, 2014; Tarr *et al.*, 2007). Se encontraron reportes de identificación en muestras de agua de mar en Estados Unidos, China y Perú; también se ha encontrado en agua y sedimentos de estuarios al este y oeste de Estados Unidos (California, Oregón, Washington y Florida), en agua de una laguna costera en España, agua y sedimento de una laguna costera en Francia y otra en Nápoles - Italia (Cantet *et al.*, 2013; Colwell *et al.*, 1977; Dumontet *et al.*, 2000; Garay *et al.*, 1985; Gil *et al.*, 2004; Hood & Ness, 1982; Kaysner *et al.*, 1987; Li *et al.*, 2015). En este estudio se encontró en “todas las muestras”, en los dos medios, con excepción de LANRESC punto 3 y ojo de

agua La Carbonera, en los cuales solo se detectó en agua. En la revisión no se encontraron reportes que lo asociaran a aplicaciones en biotecnología.

Vibrio furnissii ha sido aislada de pacientes con gastroenteritis, ocasionada por alimentos (puede relacionarse con cuadros diarreicos), al igual que infecciones en heridas; también se le reporta bacteremias y septicemias (Gómez *et al.*, 2014; Daniels & Shafaie, 2000). No se encontraron reportes de lugares puntuales, más se halló el reporte que está comúnmente en agua de estuarios y en las heces de animales (Brenner *et al.*, 1983; Lee *et al.*, 1981). *V. furnissii* se detectó en la costa marina en la muestra de puerto de abrigo mar (agua), en el sedimento de La Bocana fondo profundo y cerca de la población en los dos medios. No se encontró reporte de usos a nivel biotecnológico o industrial.

Vibrio mimicus es abundante en agua salobre, se ha identificado en muestras ambientales y en algunos animales; en particular se encontraron reportes en aguas de río en Estados Unidos y Japón, y en un lago en India (Gómez *et al.*, 2014). Esta especie solo se halló en la ciénaga, en el sedimento de La Bocana fondo profundo y en el agua del ojo de agua La Carbonera. Puede ocasionar gastroenteritis por el consumo de mariscos y pescados crudos o mal cocidos, cuadro acompañado por fiebre, diarrea, náuseas, vómitos y calambres abdominales; también se ha asociado a infecciones de oídos por contacto con el agua contaminada (Kodama *et al.*, 1991; Shandera *et al.*, 1983). Se usa en biodegradación de los compuestos BTEX (benceno, tolueno, etil benceno, y xilenos), solos o en un cultivo mixto (Babaarslan *et al.*, 2003).

Vibrio parahaemolyticus está ampliamente distribuida en agua marinas templadas y cálidas, y en sedimentos costeros de todo el mundo. Se asocia con infecciones como gastroenteritis por ingesta de mariscos contaminados, infecciones de heridas abiertas, y septicemia por exposición a agua contaminada (Cabrera *et al.*, 2004; Gómez *et al.*, 2014; Ruangpan & Kitao, 1991). Ha sido aislada en muestras de agua de mar al este y oeste de Estados Unidos, del golfo de México y Francia, también en sedimentos marinos en Iran (Colwell *et al.*, 1977; DePaola *et al.*, 1990; Hervio *et al.*, 2002; Jafari *et al.*, 2015). Dentro de la investigación se detectó *V. parahaemolyticus* en “todas las muestras” menos en el este del muelle y en el sedimento de cerca de la estación de gasolina. Se usa en biorremediación, ya que es capaz de eliminar mercurio y otros metales pasados (Kotala *et al.*, 2014; Jafari *et al.*, 2015; Wee *et al.*, 2014).

La especie *Vibrio splendidus* son bacterias comunes en agua de mar, afecta principalmente a la fauna marina; en particular se han reportado casos de mortalidad masiva de ostras en Francia (Le Roux *et al.*, 2002; Lambert *et al.*, 1998). Es relacionada con la enfermedad conocida como vibriosis en animales marinos, que se transmite al ser humanos por el consumo de animales enfermos (Jensen *et al.*, 2003). en el ambiente se ha identificado en aguas de mar en Italia (Narracci *et al.*, 2014). Esta especie se halló en “todas las muestras” menos en el este del muelle; se presentó en la costa marina en el sedimento de oeste del muelle, en sedimento de mar adentro, en tres muestras de agua (UMDI, LANRESC punto 3 y desagüe de la granja camaronera) y dos en ambos medios (puerto de abrigo mar y LANRESC punto 5). En ciénaga se detectó en tres muestras de sedimento (puerto de abrigo mirador, cerca de la estación de gasolina y La Bocana fondo medio), dos de agua (periferia al basurero y ojo de agua La Carbonera) y cinco en ambos medios (puerto de abrigo laguna, cerca de la población, La Bocana entrada, La Bocana fondo profundo y ojo de agua anidamiento de aves). Un posible uso en biotecnología, es su participación en la obtención de biocombustibles, debido a la capacidad que tienen de metabolizar polisacáridos de alginato (Wargacki *et al.*, 2012).

Vibrio vulnificus, se asocia a infección de heridas abiertas (fascitis necrotizante), septicemia primaria, y en casos aislados gastroenteritis; principalmente afecta a personas con daño hepático. Hacia el año 2000, fue el causante del 95 % de muertes por el consumo de mariscos contaminados en Estados Unidos. (Crossman *et al.*, 2004; Gómez *et al.*, 2014; Hervio *et al.*, 2002). Es una especie común en aguas marinas con temperaturas superiores a 18 °C (Gómez *et al.*, 2014), se reporta que ha sido identificada en muestras de agua costera de Francia y Estados Unidos (Hervio *et al.*, 2002). *V. vulnificus* se identificó en sedimento de Bajo de 10, y en cuatro muestras de costa marina que incluye: LANRESC punto 5 en sedimento, UMDI y desagüe de la granja camaronera en agua, y puerto de abrigo en los dos ambientes. En la ciénaga se presentó en “todas las muestras”, cuatro en agua (puerto de abrigo mirador y laguna, periferia al basurero y ojo de agua La Carbonera), cinco en sedimento (cerca de la estación de gasolina, cerca de la población, La Bocana entrada, La Bocana fondo profundo y ojo de agua anidamiento de aves) y una en los dos ambientes (La Bocana fondo medio). Tiene potencial uso en biorremediación en áreas agrícolas e industriales, por producción de una variedad de enzimas (Tallur *et al.*, 2016).

Yersinia es un género de bacterias Gramnegativas, común en muestras ambientales de suelo y agua. A él pertenecen 18 especies, de las cuales tres se han descrito como patógenas para mamíferos: *Yersinia enterocolitica*, *Yersinia pseudotuberculosis* y *Yersinia pestis* (Hall *et al.*, 2015; McNally *et al.*, 2016). En el caso específico de *Y. enterocolitica*, son bacterias zoonóticas, que pueden ser transmitidas a los seres humanos por el consumo de alimentos contaminados, causando gastroenteritis (McNally *et al.*, 2016). Se ha identificado en muestras de agua de mar en Brasil, Grecia y el mar Negro en Bulgaria (Falcão *et al.*, 2004; Panaiotov *et al.*, 2015; Tzelepi *et al.*, 1999), también en muestras de agua de una laguna costera en Turquía (Kimiran *et al.*, 2015). A nivel de especie sólo se detectó en el agua en La Bocana fondo profundo; como género, en dos muestras de agua y dos de sedimento, una de cada medio en ciénaga y las otras dos en costa marina (figura 19 y 20). Como aplicación biotecnológica, de una de las cepas de *Y. enterocolitica* se ha obtenido un enzima (lipasa) con alta actividad a bajas temperaturas, que puede ser usada como detergente o como biocatalizador de bajas temperaturas (Ji *et al.*, 2015).

Las 21 especies patógenas restantes, detectadas por secuenciación masiva, se clasificaron en 19 géneros no caracterizados como netamente patógenos (tabla 11).

Alcaligenes es un género de bacterias Gramnegativas, aeróbicas, no fermentadoras, pertenecientes a la familia Alcaligenaceae. Se encuentran principalmente en el tracto intestinal de los vertebrados, en materia orgánica en descomposición, productos lácteos, agua y suelo. Es causante de infecciones respiratorias, gastrointestinales y en heridas, con afectación principalmente en personas inmunosuprimidas (Aisenberg *et al.*, 2004; Garrity *et al.*, 2006; Sørhaug & Stepaniak, 1997). En el ambiente ha sido aislado en muestras de agua de mar cerca de Japón, del océano Índico y en el golfo de México; en sedimentos marinos del Pacífico mexicano, de un manglar en India, y en muestras de agua de una laguna costera en España (Aznar *et al.*, 1991; Behera *et al.*, 2017; Hollaway *et al.*, 1980; Kogure & Koike, 1987; Liu *et al.*, 2003; Simidu *et al.*, 1980). *Alcaligenes* se detectó en este estudio solo en la ciénaga, en el agua de La Bocana entrada y en La Bocana fondo medio. Es de interés en biotecnología por su capacidad de producir biosurfactantes, útiles en procesos de biorremediación de áreas contaminadas con cromo (Toledo *et al.*, 2008; Varadajan *et al.*, 2015).

Las bacterias del género *Anabaena* son cianobacterias que existe con el plancton, importantes por ser fijadoras de nitrógeno (Corning, 2002). Son consideradas patógenas por estar relacionadas con la producción de neurotoxinas, las cuales pueden afectar a la fauna local, y generar en el ser humano una intoxicación paralizante, debido a la ingesta de animales contaminados; esta es conocida como intoxicación paralizante por mariscos (Ballot *et al.*, 2010). En muestras ambientales, ha sido identificada en agua marina del mar Báltico en Finlandia y en el golfo de México; también en sedimentos de una laguna costera del Pacífico mexicano y de varios embalses en España (Cirés *et al.*, 2013; Margulis *et al.*, 1980; Paul *et al.*, 2000; Sivonen *et al.*, 1989). *Anabaena* sp. se halló en las muestras de sedimento en mar abierto y del ojo de agua La Carbonera, también en el agua de costa marina (LANRESC punto 5 y este del muelle), y en la ciénaga (puerto de abrigo mirador). Algunas especies de este género se ha usado como fertilizantes naturales en campos de arroz, de igual forma en procesos de eliminación de dióxido de carbono (Chittapun *et al.*, 2017; López *et al.*, 2009b)

Corynebacterium diphtheria, son bacterias Grampositivas, pertenecientes a las Actinobacteria, no esporuladas y anaerobias facultativas; tienen la capacidad de secretar una potente toxina que causa enfermedades como difteria (Gavilán *et al.*, 2011; Reardon *et al.*, 2015), endocarditis y neumonía (Trost & Tauch, 2014). Hacen parte de la flora normal de la piel y la nasofaringe; su contagio se da por el contacto directo respiratorio o físico con pacientes o portadores. (Burkovski, 2014; Gavilán *et al.*, 2011). En muestras ambientales, se ha reportado en agua y sedimentos marinos en la India (Yellamanda *et al.*, 2016), no se encontraron reportes de su identificación en lagunas costeras. De interés biotecnológico está su posible uso en biorremediación, gracias a su posibilidad de acumular arsénico (Villadangos *et al.*, 2014). *C. Diphtheria* se halló en todos los puntos con mayor presencia en el agua, menos en puerto de abrigo mar, oeste del muelle y ojo de La Bocana; en sedimento, Bajo de 10 y LANRESC punto 3; en agua, LANRESC punto 5, este del muelle, desagüe granja camaronera, cerca de la estación de gasolina, cerca de la población (borde habitado), periferia basurero, La Bocana fondo medio, La Bocana fondo profundo, ojo de agua anidamiento de aves y ojo de agua La Carbonera; en los dos medios: UMDI, puerto de abrigo mirador, puerto de abrigo laguna y La Bocana entrada.

Elizabethkingia meningoseptica (*Flavobacterium meningosepticum*), es una especie de bacterias Gramnegativas, no móviles, aerobias, pertenecientes al género *Chryseobacterium* (Jean *et al.*, 2014). Es un agente etiológico de meningitis en pacientes neonatales, rara vez causa esta afección en adultos; también se ha asociado a infecciones en la piel (Soman *et al.*, 2016). Debido a su capacidad de adaptarse a diversos ambientes, se encuentra ampliamente distribuido en la naturaleza: agua dulce, agua salada, y en el suelo (Colapietro *et al.*, 2016; Jean *et al.*, 2014; Moore *et al.*, 2016). Se encontró en la literatura que fue identificada en muestras de sedimento del norte de China (Zhang, R. *et al.*, 2014). En esta investigación se detectó tanto en mar abierto (sedimento), costa marina (sedimento del puerto de abrigo mar, y agua de UMDI, LANRESC punto 5 y este del muelle) y ciénaga (puerto de abrigo mirador, cerca de la población, periferia basurero, La Bocana fondo medio y La Bocana entrada; todas en agua, la última en los dos medios). A nivel biotecnológico, puede ser usado en biorremediación, ya que ha demostrado capacidad en la degradación de pesticidas organofosforados (Singh *et al.*, 2013).

Grimontia hollisae son bacterias Gramnegativas, aerobias y móviles, pertenecientes al género *Grimontia*, de la familia Vivrionaceae (Singh *et al.*, 2014). La especie está relacionada con casos de gastroenteritis por el consumo de crustáceos contaminados (Avsever & Öz, 2016). Se encontró que han sido aislada de muestras de agua del mar Negro en Georgian, del océano Indico en Mozambique (Collin *et al.*, 2013; Kokashvili *et al.*, 2015), y en muestras de sedimento marino en India (Singh *et al.*, 2014). *G. hollisae* se encontró en el estudio solo en muestras de la ciénaga, dos en agua correspondientes al puerto de abrigo laguna y La Bocana fondo profundo, y en el ojo de agua del anidamiento de aves en sedimento. Esta bacteria es de interés médico, ya que, a partir de su producción de hemolisinas, y conjugadas con un factor de crecimiento, han obtenido preparaciones de una inmunotoxina usada en el tratamiento del cáncer (Huang *et al.*, 2015).

Las bacterias de la especie *Haemophilus influenzae* son organismos Gramnegativos, anaerobios facultativos, considerados como comensales en humanos; pueden colonizar el tracto respiratorio superior y en ocasiones se asocia con infecciones en esta zona (Reddington *et al.*, 2015). Aunque son bacterias nativas del ser humano, y no es común encontrarlas en muestras ambientales, se han asociado a la formación de biopelículas en la naturaleza (Stevens *et al.*, 2015). Se encontró un reporte donde expresan fue aislado de muestras de agua y sedimento de un manglar en las costas de Arabia

Saudita (Hirad *et al.*, 2014). Dentro de la investigación solo se encontró esta especie en el agua de puerto de abrigo mirador. No se encontraron reportes de posibles aplicaciones biotecnológicas asociadas a esta especie.

Legionella pneumophila, bacterias Gramnegativas, pertenecientes al género *Legionella*. Especie patógena presente en una gran variedad de ambientes acuáticos, incluyendo fuentes potables (Melaine & Tabrizian, 2016; Wadowsky *et al.*, 1991), lo que puede causar una infección grave conocida como legionellosis, comúnmente en personas inmunocomprometidas (Melaine & Tabrizian, 2016; Trigui *et al.*, 2015). La forma más frecuente en que el ser humano es infectado por esta bacteria, es por la aspiración de microgotas de agua contaminada (Swanson & Hammer, 2000). *L. pneumophila* coloniza fácilmente sistemas como torres de enfriamiento de aire y sistemas de distribución de agua (Conley *et al.*, 1987). Su presencia en los diferentes ambientes acuáticos, se debe a su capacidad adaptativa, ya sea como parasito intracelular de algunos protozoos, en forma libre en comunidades bacterianas formadoras de biopelículas, y como parte del bacterioplancton (Trigui *et al.*, 2015). Se encontraron reportes de identificación en muestras de agua de estuarios, lagunas costeras y ríos al este de Estados Unidos (Fliermans *et al.*, 1981; Paszko *et al.*, 1992), también en sedimentos de una laguna costera en Túnez (Said *et al.*, 2010). En las muestras aquí analizadas, se detectó en mar abierto, seis muestras de costa marina y ocho de ciénaga (en agua y sedimento: puerto de abrigo mar, UMDI, LANRESC punto 5, La Bocana entrada y La Bocana fondo medio; en agua LANRESC punto 3, desagüe granja camaronera, puerto de abrigo laguna, La Bocana fondo profundo y ojo de agua La Carbonera; en sedimento, oeste del muelle, cerca de la estación de gasolina, cerca de la población y ojo de agua anidamiento de aves). No se encontraron reportes de posibles aplicaciones biotecnológicas asociadas a esta especie.

Leptospira interrogans, son bacterias Gramnegativas, patógenas zoonóticas (los roedores son el reservorio), causantes de la leptospirosis, con cuadros que se pueden desencadenar desde infecciones similares a la gripa hasta hemorragias pulmonares; adquirida por el contacto directo con animales portadores o por contacto con agua o suelo contaminado; las vías de acceso son heridas abiertas o las mucosas (Adler & de la Peña, 2010; King *et al.*, 2014; Riediger *et al.*, 2016). Se encontraron reportes en la literatura de identificación en muestras de agua de mar en Hawái (Viau & Boehm, 2011), en muestras de un río, un estanque y aguas residuales en el área metropolitana de Atlanta (Riediger *et al.*, 2016), y otros dos asociados a

animales: leones marinos y focas en la costa de California en Estados Unidos (Colagross *et al.*, 2002; Stamper *et al.*, 1998). *L. Interrogans* en este estudio, se detectó en el agua de costa marina de la UMDI y en cuatro puntos de ciénaga: cerca de la estación de gasolina (sedimento), periferia basurero, ojo de agua anidamiento de aves y ojo de agua La Carbonera en agua.

Microcystis es un género de cianobacterias, consideradas de agua dulce; las especies de este género son capaces de producir grandes floraciones en superficie, monopolizando la luz en la zona fótica (Huisman *et al.*, 2004; Ouellette *et al.*, 2006). Su presencia está determinada por las concentraciones de nutrientes (Rinta *et al.*, 2009). *Microcystis* sp. pueden liberar neurotoxinas y toxinas hepáticas, y se asocian a intoxicaciones en seres humanos que van desde una gastroenteritis a la muerte (con prevalencia en personas con patologías previas) (Pouria *et al.*, 1998). Aunque la mayoría de reportes de identificación son para cuerpos de agua dulce, se encontraron algunos relacionados con lagos de agua salobre en Japón y Lituania-Rusia (Belykh *et al.*, 2013; Takamura *et al.*, 1987), en lagunas costeras de la península de Yucatán (Herrera *et al.*, 1999), y en diferentes zonas del océano Indico (Silva *et al.*, 1996). En esta investigación *Microcystis* sp. se halló en tres muestras de agua de la costa marina: LANRESC punto 3, LANRESC punto 5 y este del muelle. Estas cianobacterias presentan un potencial uso en procesos de biorremediación, son capaces de secuestrar metales (biosorción) como níquel, cadmio y cobre (Parker *et al.*, 1998).

Neisseria meningitidis es una especie de bacterias Gramnegativas, intra o extracelulares, con amplia variedad genética. Pueden causar infección a nivel del sistema nervioso central con sintomatología común: fiebre, dolor de cabeza, vómito y salpullido (Gavilán *et al.*, 2011; Sater *et al.*, 2015). El reservorio natural es el ser humano, se encuentra como comensal en un 10 % de la población; se puede transmitir por microgotas de fluidos como saliva, y por contacto directo con secreciones de las vías respiratorias superiores (Sater *et al.*, 2015; Tan *et al.*, 2016). En el medio ambiente se ha aislado de muestras de polvo en Kuwait y otros países africanos (Angulo & González, 2007). En la revisión bibliográfica realizada, no se encontraron reportes de identificación en muestras de agua y sedimento marinos, ni de lagunas costeras; de igual forma no se encontraron aplicaciones industriales o biotecnológicas. En este estudio se encontró *Neisseria meningitidis* en “todas las muestras” menos en el punto oeste del muelle, en sedimento esta

en: Bajo de 10 (mar adentro) y puerto de abrigo mar; en el agua en: UMDI, LANRESC punto 3, este del muelle, desagüe granja camaronera, periferia basurero y ojo de agua La Carbonera; en los dos ambientes: LANRESC punto 5, puerto de abrigo mirador, puerto de abrigo laguna, cerca de la estación de gasolina, cerca de la población (borde habitado), La Bocana entrada, La Bocana fondo medio, La Bocana fondo profundo y ojo de agua anidamiento de aves.

Las bacterias pertenecientes a la especie *Photobacterium damsela*, son bacterias marinas halófilas, de la familia Vibrionaceae y género *Photobacterium*; se consideran autóctonos de los ecosistemas acuáticos (Yamaki *et al.*, 2015). Es un patógeno común para varias especies de animales marinos (peces, crustáceos, moluscos, y cetáceos), y en ocasiones puede afectar al ser humano (Rivas *et al.*, 2013). La infección en el humano se da por contacto directo de heridas expuestas al agua, manipulación de animales portadores, y por el consumo de animales contaminados con una toxina producida por estas bacterias (Goodell *et al.*, 2004; Morris *et al.*, 1982; Yamaki *et al.*, 2015). En el ambiente ha sido aislado de animales libres en aguas del golfo de México, el Mediterráneo, la costa atlántica de Estados Unidos, Taiwán e India (Buck *et al.*, 2006; Chiu *et al.*, 2013; Lozano *et al.*, 2003; Serracca *et al.*, 2011; Vaseeharan *et al.*, 2007); en muestras de agua del golfo de México, agua y sedimento del Mediterráneo (Buck, 1990; Ghinsberg *et al.*, 1995) y del agua de una laguna costera en Malasia (Wan & Darah, 2005). *P. damsela* se detectó en sedimento: Bajo de 10, oeste del muelle, puerto de abrigo mirador, La Bocana entrada y ojo de agua anidamiento de aves; agua: UMDI, LANRESC punto 3, este del muelle, puerto de abrigo laguna, periferia basurero y La Bocana fondo medio; y en los dos ambientes: puerto de abrigo mar, LANRESC punto 5, cerca de la estación de gasolina, cerca de la población (borde habitado).

Rhodobacter sphaeroides es una especie de bacterias fototróficas, anaerobias, capaces de fijar nitrógeno, con metabolismo diverso. Son bacterias de vida libre (Puskas *et al.*, 1997), se encuentra en el suelo, fango, lodos, hábitats acuáticos ricos en materia orgánica y también en zonas anóxicas de estos medios (Green & Setterdahl, 2012). Se han identificado en muestras de agua del mediterráneo, como parte del plancton en el golfo de México y en muestras de sedimento en Malasia (Kamal *et al.*, 2009; Macián *et al.*, 2005; Paul *et al.*, 2000). Se detectó en este estudio solo en el sedimento de la UMDI. Dentro de las aplicaciones biotecnológicas se reportan, posible uso como marcador fluorescente en el diagnóstico de

cáncer (Kwon *et al.*, 2014), y uso en la producción de hidrógeno como fuente de energía limpia (Kobayashi *et al.*, 2011).

Stenotrophomonas maltophilia es una bacteria Gramnegativa, de baja patogenicidad oportunista, que en ocasiones puede llegar a producir infecciones nosocomiales (bacteremia, endocarditis e infecciones respiratorias). Se encuentran principalmente en medios acuáticos, también en el suelo (Brooke, 2012; Crossman *et al.*, 2008; Juliet & Fernández, 2006). En el medio ambiente se ha identificado en muestras de agua y sedimento marino en Turquía, suelo de la Antártica, agua de mar en Argelia, sedimentos de manglar en Brasil y en muestras de agua en una laguna costera en Uruguay (Alouache *et al.*, 2012; Castro *et al.*, 2014; Matyar *et al.*, 2008; Piccini *et al.*, 2006; Vazquez, S. *et al.*, 2005). Las investigaciones han indicado un papel potencial de esta especie en biotecnología: en agricultura como agente de control biológico de patógenos fúngicos (Berg *et al.*, 1996) y en biorremediación, degradando con éxito el RDX o T4, -sustancia explosiva - (Binks *et al.*, 1995). Se detectó en las muestras de agua de puerto de abrigo laguna y en el sedimento de La Bocana entrada.

Tsukamurella es un género de bacterias Grampositivas, que no forman esporas y son aerobias obligadas. Pertenecen a la familia de Tsukamurellaceae. Algunas especies de este género pueden causar infecciones en los seres humanos, principalmente en pacientes inmunocomprometidos (Alcaide *et al.*, 2004; De Jesus *et al.*, 2008). En la naturaleza, se han aislado de muestras de esponjas marinas en Curazao, en muestras de agua de mar en Iran y en sedimento marino de Tailandia (Hassanshahian *et al.*, 2013; Olson *et al.*, 2007; Ruttanasutja & Pathom, 2015). Como aplicación biotecnológica se le atribuye: capacidad bionematicida (control del crecimiento de nematodos), potencial uso en la generación de biocombustibles al poder digerir la lignina presente en las plantas, y en bioremediación de zonas contaminadas con hidrocarburos (González *et al.*, 2016; Hassanshahian *et al.*, 2013; Revollo *et al.*, 2012). En la investigación se halló en el sedimento de ciénaga de puerto de abrigo laguna, cerca de la población y bocana fondo profundo.

Dentro de la secuenciación del gen 16S, aunque es para Arqueas y Bacterias, se logró establecer en las muestras de ADN metagenómico la presencia de hongos; todos ellos se hallaron focalizados en las muestras de La Bocana.

Aureobasidium pullulans, es común en medios osmóticos como alimentos y hojas de plantas, también en rocas húmedas. Las infecciones en el ser humano son principalmente por inoculación traumática, es decir por raspones, puyazos o cortadas en la piel, y pueden llegar a producir queratitis, infección cutánea, pulmonar y sistémica en pacientes gravemente comprometidos (Robert *et al.*, 2005; Salkin *et al.*, 1986). *A. pullulans* solo se detectó en el agua del ojo de agua de La Bocana.

Aspergillus flavus es un hongo que se encuentra ampliamente distribuido alrededor del mundo, es muy común en las regiones tropicales y subtropicales; puede vivir en condiciones de temperaturas extremas como las del antártico, y a alturas sobre los 4000 msnm, en zonas muy húmedas como manglares, y muy secas como los desiertos en Chile, tolera altas concentraciones de sal. Debido a su producción de toxinas, las apariciones en los alimentos han sido objeto de especial atención. Se ha asociado con infecciones de oído y ojos, y muy ocasionalmente puede causar infecciones pulmonares, del endocardio y de la vejiga en el ser humano (Hedayati *et al.*, 2007; Robert *et al.*, 2005). Esta especie se halló solo en La Bocana entrada.

Aspergillus niger se encuentra ampliamente distribuida alrededor del mundo, pero a diferencia de muchas otras especies de *Aspergillus*, solo cerca del 50 % de los reportes están dentro de los trópicos, es común en regiones más cálidas. Es posible encontrarlos en zonas costeras y lagunas costeras, así como en la basura fresca, hojas y madera en descomposición (Pel *et al.*, 2007; Robert *et al.*, 2005). Se detectó en La Bocana entrada.

Es común encontrar *Coccidioides immitis* en las madrigueras de roedores, en zonas desérticas de la parte suroeste de los Estados Unidos, Argentina y el noreste de Brasil. Produce coccidioidomicosis (una infección de las vías respiratorias), que suele adquirirse por la inhalación de polvo contaminado; afecta a otros animales además del ser humano (Robert *et al.*, 2005; Stevens, 1990). Esta especie se halló en La Bocana fondo medio y La Bocana entrada.

Penicillium italicum es común en todas las zonas productoras de cítricos, como Italia, España, Portugal, Turquía, Israel y Egipto. Es un patógeno para las frutas y se relaciona con la descomposición de ellas. (Robert *et al.*, 2005). Se encontró en La Bocana entrada.

Saccharomyces cerevisiae es un ascomiceto, ubicuo, que se encuentra en las plantas, frutas y suelos; ha sido ampliamente estudiado dada su importancia en la industria de panificadora y vitivinícola, así como por su capacidad de producir etanol. En los seres humanos, esta levadura forma parte de la microbiota habitual de la mucosa del tracto gastrointestinal y respiratorio. Las infecciones por este hongo son poco comunes y se enfocan a pacientes inmunodeprimidos (Muñoz *et al.*, 2005; Souza *et al.*, 2012). Se detectó en La Bocana entrada.

Con la ubicación geográfica de todas las especies patógenas encontradas en cada uno de los puntos (figura 27), no fue posible establecer una relación directa con el asentamiento de la población y el desarrollo de sus actividades; esto debido a que no hubo un conglomerado de puntos que se distinguiera de las demás por la alta carga microbiana. De igual forma, parte de estos agentes etiológicos son ubicuos, y tienen reservorios en la fauna perteneciente a la zona, lo que no ayuda a esclarecer la fuente de donde proceden, y la correlación antropogénica.

El punto que tuvo mayor cantidad de agentes etiológicos (40), y que fue analizado en los dos ambientes, fue La Bocana entrada, teniendo cinco especies más de los siguientes puntos con mayor contenido de patógenos (puerto de abrigo laguna y ojo de agua anidamiento de aves). En este resultado es pertinente recordar que, algunos puntos solo fueron analizados en un solo medio, lo que altera desde el inicio, la integración y vista global de los puntos y la presencia de las especies de interés.

8. Conclusiones

Algunas de las especies etiológicas de interés detectadas por secuenciación masiva del gen ARNr 16S, han sido reportadas en la literatura como especies que se encuentran de forma nativa o como reservorio en la flora bacteriana de los seres humanos, mamíferos, aves, plantas y de forma ubicua en el medio ambiente.

De acuerdo con los resultados, no se estableció directamente una fuente puntual o condiciones fisicoquímicas que favorecieran la presencia de los agentes etiológicos, pero sí se logró ubicar posibles focos de aporte de esta microbiota en la península de Yucatán.

Por medio de la disimilitud de Bray Curtis, se logró evidenciar el parecido que guardan las muestras, según el medio al que pertenecen (agua o sedimento) y al ambiente de origen de estas (costa marina o ciénaga). De igual forma, permitió establecer que, se guarda una gran similitud entre la microbiota encontrada en la columna de agua y el sedimento subyacente del punto (puerto de abrigo mar).

Los agentes etiológicos predominantes en los puntos de muestreo (en orden descendente), en agua y sedimento son: *Burkholderia pseudomallei*, *Clostridium botulinum*, *Helicobacter pylori*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae*, *Peptoclostridium difficile*, *Vibrio parahaemolyticus*, *Bacillus anthracis*, *Coxiella burnetii*, *Enterococcus faecalis*, *Vibrio cholerae*, *Acinetobacter baumannii*, *Ehrlichia* spp., *Mycobacterium tuberculosis*, *Bacillus cereus*, *Clostridium tetani*, *Neisseria meningitidis*, *Mycobacterium xenopi* y *Vibrio splendidus*

Se georreferenció en un mapa de la zona costera del noroeste de la península de Yucatán, la riqueza microbiana patógena de interés detectada en cada uno de los puntos de muestreo con secuenciación masiva.

La implementación de nuevas técnicas como las tecnologías de nueva generación - secuenciación masiva - en los análisis de muestras ambientales, permitieron establecer resultados más amplios que los obtenidos con coliformes fecales y totales, respecto a la presencia y variedad de agentes etiológicos que pueden circundar en el medio.

Los agentes etiológicos identificados en este estudio, de encontrarse en la vía o vías de afectación indicada, fase latente y concentración efectiva, podrían afectar de forma general o localizada el aparato respiratorio, gastrointestinal, circulatorio, coronario, SNC – meninges y encéfalo- y tejidos blandos lesionados o no. Las afecciones a estos sistemas se manifiestan como úlceras, intoxicaciones, infecciones locales hasta sepsis. Para estos patógenos algunas de las enfermedades que se reportan son tuberculosis, queratitis, carbunco, cólera, botulismo, tétanos, fiebre Q, shigelosis, melioidosis, listeriosis, meningitis y legionelosis entre otras.

En la literatura se reporta que los agentes etiológicos detectados en este estudio tienen potencial uso en biorremediación de hidrocarburos, pesticidas y metales pesados; de igual forma, varios de ellos son de interés industrial a nivel farmacéutico, alimentario y textil.

9. Referencias

- Abia, A., Ubomba, E., du Preez, M., & Momba, M. (2015). Riverbed sediments in the apies river, south africa: Recommending the use of both *clostridium perfringens* and *escherichia coli* as indicators of faecal pollution. *Journal of Soils and Sediments*, 15(12), 2412-2424. doi:10.1007/s11368-015-1209-0
- Abioye, O. P., Iroegu, V. T., & Aransiola, S. A. (2015). Biodegradation of Methyl Red by *Staphylococcus aureus* Isolated from Waste Dump Site. *Journal of Environmental Science and Technology*, 8(3), 131.
- Abouelfetouh, A. A. Y., Naguib, M., Magdy, S., Kassem, M., & El-Nakeeb, M. (2016). Is Moxifloxacin a secret weapon or simply a trump card to treat methicillin resistant staphylococcal infections? A study from Egypt. *International Journal of Infectious Diseases*, 45, 71.
- Acuña, J., Garcia, J., Gómez, E., & Vargas, J., & Cortéz, J. (2008). Parámetros físico-químicos en aguas costeras de la Isla del Coco, Costa Rica (2001-2007). *Rev. Biol. Trop*, 56(2), 49-56.
- Adler, B., & de la Peña, A. (2010). Leptospira and leptospirosis. *Veterinary microbiology*, 140(3), 287-296.
- Aguirre, M. L., Simá, R. A., Román, M. K., & Güemez, J. I. (2007). Parasite survey of the eastern oyster *Crassostrea virginica* in coastal lagoons of the southern Gulf of Mexico. *Journal of aquatic animal health*, 19(4), 270-279.
- Ahmad, A., Dada, A. C., Usup, G., & Yook, H. L. (2014). *Enterococci* Concentrations in Tropical Coastal Beaches in Malaysia Correlate Better With Pathogen Levels and Other Water Quality Indicators than Faecal Coliforms. In *From Sources to Solution* (pp. 1-6). Springer Singapore.
- Aisenberg, G., Rolston, K. V., & Safdar, A. (2004). Bacteremia caused by *Achromobacter* and *Alcaligenes* species in 46 patients with cancer (1989–2003). *Cancer*, 101(9), 2134-2140.
- Akoachere, J. F., Oben, P. M., Mbivnjo, B. S., Ndip, L. M., Nkwelang, G., & Ndip, R. N. (2008). Bacterial indicators of pollution of the Douala lagoon, Cameroon: Public health implications. *African health sciences*, 8(2).
- Al-Amoudi, S., Essack, M., Simões, M. F., Bougouffa, S., Soloviev, I., Archer, J. A., . & Bajic, V. B. (2016). Bioprospecting Red Sea Coastal Ecosystems for Culturable Microorganisms and Their Antimicrobial Potential. *Marine Drugs*, 14(9), 165.
- Al-Baldawi, I. A., Abdullah, S. R. S., Anuar, N., & Mushrifah, I. (2017). Bioaugmentation for the enhancement of hydrocarbon phytoremediation by rhizobacteria consortium in

- pilot horizontal subsurface flow constructed wetlands. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 14(1), 75-84. doi:10.1007/s13762-016-1120-2
- Al-Saif, N., & Brazier, J. S. (1996). The distribution of *Clostridium difficile* in the environment of South Wales. *Journal of Medical Microbiology*, 45(2), 133-137.
- Alcaide, M. L., Espinoza, L., & Abbo, L. (2004). Cavitary pneumonia secondary to *Tsukamurella* in an AIDS patient. First case and a review of the literature. *Journal of Infection*, 49(1), 17-19.
- Alekseev, A. N., Dubinina, H. V., Van De Pol, I., & Schouls, L. M. (2001). Identification of *Ehrlichia* spp. and *Borrelia burgdorferi* in Ixodes Ticks in the Baltic Regions of Russia. *Journal of Clinical Microbiology*, 39(6), 2237-2242.
- Alouache, S., Kada, M., Messai, Y., Estepa, V., Torres, C., & Bakour, R. (2012). Antibiotic resistance and extended-spectrum β -lactamases in isolated bacteria from seawater of Algiers beaches (Algeria). *Microbes and environments*, 27(1), 80-86.
- Alugupalli, S. R. I. N. I. V. A. S., Larsson, L., Slosarek, M., & Jaresova, M. (1992). Application of gas chromatography-mass spectrometry for rapid detection of *Mycobacterium xenopi* in drinking water. *Applied and environmental microbiology*, 58(11), 3538-3541.
- Amal, M. N. A., Zamri-Saad, M., Siti-Zahrah, A., & Zulkafli, A. R. (2013). Transmission of *Streptococcus agalactiae* from a hatchery into a newly established red hybrid tilapia, *Oreochromis niloticus* (L.) *Oreochromis mossambicus* (Peters), farm. *Journal of fish diseases*, 36(8), 735-739.
- Andam, C. P., & Hanage, W. P. (2015). Mechanisms of genome evolution of *Streptococcus*. *Infection, Genetics and Evolution*, 33, 334-342.
- Angulo, G. B., & González, F. M. (2007). Microbios africanos de vacaciones en el Caribe. *Rev Mex Patol Clin*, 54(4), 168-176.
- Arafa, A., Farag, S., Mahdaly, M. A., & Badr, M. M. (2016). Biodegradation of petroleum industry oily sludge by bacterial consortium and its application in land farming. *Pakistan Journal of Biotechnology*, 13(1), 1-11.
- Aranda, N., Herrera, J. A., & Comín, F. A. (2006). Nutrient water quality in a tropical coastal zone with groundwater discharge, northwest Yucatán, México. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 68 (3-4), 445-454.
- Arenas, I., & López, J. (2004). Espectrofotometría de absorción. Instituto de Biotecnología - UNAM. *Metodos de Laboratorio*. Cuernavaca - México.
- Astorga, M. I., & Silva, N. (2005). Textura, materia orgánica, carbono orgánico y nitrógeno total, en sedimentos marinos superficiales de la X Región. *Crucero Cimar*, 10, 203-216.

- Atlas, R., & Bartha, R. (2002). *Ecología Microbiana y Microbiología Ambiental* (4 ed.). Madrid, España: PEARSON EDUCACIÓN.p.p.s
- Austin, B., Stuckey, L. F., Robertson, P. A. W., Effendi, I., & Griffith, D. R. W. (1995). A probiotic strain of *Vibrio alginolyticus* effective in reducing diseases caused by *Aeromonas salmonicida*, *Vibrio anguillarum* and *Vibrio ordalii*. *Journal of Fish Diseases*, 18(1), 93-96.
- Avsever, M. L., & Öz, M. (2016). First isolation of tdh positive *Grimontia hollisae* from oysters in Turkey. *Bulletin of the European Association of Fish Pathologists*, 36(5), 186-192.
- Aznar, R., Amaro, C., Garay, E., & Alcaide, E. (1991). Physico-Chemical and Bacteriological Parameters in a Hypereutrophic Lagoon (Albufera Lake, Valencia, Spain). *Zentralblatt für Mikrobiologie*, 146(4), 311-321.
- Azuz, I., & Rivera, E. (2007). Estimación del crecimiento poblacional para los estados costeros de México. *Papeles de población*, 13(51), 187-211.
- Babaarslan, C., Tekeli, A., & Mehmetoğlu, T. (2003). Biodegradation of BTEX compounds by a mixed culture obtained from petroleum formation water. *Energy sources*, 25(7), 733-742.
- Babraham Institute. (2016). Babraham Bioinformatics. Recuperado el 28 de enero de 2017, de <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/Help/1%20Introduction/1.1%20What%20is%20FastQC.html>
- Babrak, L., Danelishvili, L., Rose, S. J., Kornberg, T., & Bermudez, L. E. (2015). The environment of “*Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis*” microaggregates induces synthesis of small proteins associated with efficient infection of respiratory epithelial cells. *Infection and immunity*, 83(2), 625-636.
- Bakken, J., & Stephen Dumler, J. (2015). Ehrlichiosis and anaplasmosis. En D. Schlossberg (Ed.), *Clinical infectious disease* (pp. 1098-1102). Cambridge: Cambridge University Press. doi: 10.1017 / CBO9781139855952.193
- Ballot, A., Fastner, J., & Wiedner, C. (2010). Paralytic shellfish poisoning toxin-producing *Cyanobacterium aphanizomenon* gracile in northeast Germany. *Applied and environmental microbiology*, 76(4), 1173-1180.
- Banat, I. M., Marchant, R., & Rahman, T. J. (2004). *Geobacillus debilis* sp. nov., a novel obligately thermophilic bacterium isolated from a cool soil environment, and reassignment of *Bacillus pallidus* to *Geobacillus pallidus* comb. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 54(6), 2197-2201.
- Barati, A., Ghaderpour, A., Chew, L. L., Bong, C. W., Thong, K. L., Chong, V. C., & Chai, L. C. (2016). Isolation and Characterization of Aquatic-Borne *Klebsiella pneumoniae*

- from Tropical Estuaries in Malaysia. *International journal of environmental research and public health*, 13(4), 426.
- Barbieri, E., Falzano, L., Fiorentini, C., Pianetti, A., Baffone, W., Fabbri, A., . & Möllby, R. (1999). Occurrence, Diversity, and Pathogenicity of Halophilic *Vibrio* spp. and Non-O1 *Vibrio cholerae* from Estuarine Waters along the Italian Adriatic Coast. *Applied and Environmental Microbiology*, 65(6), 2748-2753.
- Barns, S. M., Grow, C. C., Okinaka, R. T., Keim, P., & Kuske, C. R. (2005). Detection of diverse new *Francisella* like bacteria in environmental samples. *Applied and environmental microbiology*, 71(9), 5494-5500.
- Barragán, B. E., Costa, C., Peralta, J., Barrera, J., Esparza, F., & Rodríguez, R. (2007). Biodegradation of organochlorine pesticides by bacteria grown in microniches of the porous structure of green bean coffee. *International Biodeterioration and Biodegradation*, 59(3 SPEC. ISS.), 239-244. doi:10.1016/j.ibiod.2006.11.001
- Barrera, G., & Namihira, P. E. (2004). Contaminación microbiológica en la zona costera de Akumal, Quintana Roo, México. *Hidrobiológica*, 14(1), 27-35.
- Bastida, R., Loureiro, J., Quse, V., Bernardelli, A., Rodríguez, D., & Costa, E. (1999). Tuberculosis in a wild subantarctic fur seal from Argentina. *Journal of Wildlife Diseases*, 35(4), 796-798.
- Batlloori, E., González, J. I., Díaz, J., & Febles, J. L. (2006). Caracterización hidrológica de la región costera noroccidental del estado de Yucatán, México. *Investigaciones geográficas*, (59), 74-92.
- Baumann, P. (1968). Isolation of *Acinetobacter* from soil and water. *Journal of bacteriology*, 96(1), 39-42.
- Behera, B. C., Yadav, H., Singh, S. K., Sethi, B. K., Mishra, R. R., Kumari, S., & Thatoi, H. (2017). Alkaline phosphatase activity of a phosphate solubilizing *Alcaligenes faecalis*, isolated from Mangrove soil. *Biotechnology Research and Innovation*. Available online, ISSN 2452-0721, <https://doi.org/10.1016/j.biori.2017.01.003>.
- Belattmania, Z., Reani, A., Barakate, M., Zrid, R., Elatouani, S., Hassouani, M., . . . Sabour, B. (2016). Antimicrobial, antioxidant and alginate potentials of dictyopteris polypodioides (dictyotales, phaeophyceae) from the moroccan atlantic coast. *Der Pharma Chemica*, 8(2), 216-226.
- Belykh, O. I., Dmitrieva, O. A., Gladkikh, A. S., & Sorokovikova, E. G. (2013). Identification of toxigenic cyanobacteria of the genus *Microcystis* in the Curonian Lagoon (Baltic Sea). *Oceanology*, 53(1), 71.
- Benito, S., López, A., Lizana, X., Lope, S., Carbó, R., Del Valle, L. J., . . . Piqué, N. (2017). Presence of *Listeria monocytogenes* in prepared foods: Analysis of influencing factors. *Journal of Food Processing and Preservation*, 41(2) doi:10.1111/jfpp.12842

- Berg, G., Marten, P., & Ballin, G. (1996). *Stenotrophomonas maltophilia* in the rhizosphere of oilseed rape occurrence, characterization and interaction with phytopathogenic fungi. *Microbiological Research*, 151(1), 19-27.
- Bernardelli, A., Bastida, R., Loureiro, J., Michelis, H., Romano, M. I., Cataldi, A., & Costa, E. (1996). Tuberculosis in sea lions and fur seals from the south-western atlantic coast. *Revue Scientifique Et Technique (International Office of Epizootics)*, 15(3), 985-1005.
- Berrueta, T. (2015). Trichuriasis o trichuriasis. Retrieved 11 5, 2016, from Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina, UNAM: www.facmed.unam.mx/deptos/microbiologia/parasitologia/trichuriasis.html
- Berrueta, T. (2016). Tuberculosis. Recursos en Parasitología Departamento de Microbiología y Parasitología Universidad Nacional Autónoma de México. <http://www.facmed.unam.mx/deptos/microbiologia/bacteriologia/tuberculosis.html>
- Binks, P. R., Nicklin, S., & Bruce, N. C. (1995). Degradation of hexahydro-1, 3, 5-trinitro-1, 3, 5-triazine (RDX) by *Stenotrophomonas maltophilia* PB1. *Applied and environmental microbiology*, 61(4), 1318-1322.
- Bode, R., Brayton, P., Colwell, R., Russo, F., & Bullock, W. (1986). a new *Vibrio* species, *Vibrio cincinnatiensis*, causing meningitis: successful treatment in an adult. *Annals of internal medicine*, 104(1), 55-56.
- Bojórquez, C., Frías Espericueta, M. G., & Voltolina, D. (2016). Removal of cadmium and lead by adapted strains of *Pseudomonas aeruginosa* and *Enterobacter cloacae*. *Revista internacional de contaminación ambiental*, 32(4), 407-412.
- Botello, A. V. (2005). Golfo de México: Contaminación e impacto ambiental: diagnóstico y tendencias. Univ. J. Autónoma de Tabasco.
- Bradshaw, J. K., Snyder, B. J., Oladeinde, A., Spidle, D., Berrang, M. E., Meinersmann, R. J., ... & Molina, M. (2016). Characterizing relationships among fecal indicator bacteria, microbial source tracking markers, and associated waterborne pathogen occurrence in stream water and sediments in a mixed land use watershed. *Water research*, 101, 498-509.
- Bravo, L. E., van Doorn, L. J., Realpe, J. L., & Correa, P. (2002). Virulence associated genotypes of *Helicobacter pylori*: do they explain the African enigma?. *The American journal of gastroenterology*, 97(11), 2839-2842.
- Brenner, D., Hickman, F., Lee, J., Steigerwalt, A., Fanning, G., Hollis, D., & Seidler, R. (1983). *Vibrio furnissii* (formerly aerogenic biogroup of *Vibrio fluvialis*), a new species isolated from human feces and the environment. *Journal of clinical microbiology*, 18(4), 816-824.
- Brooke, J. (2012). *Stenotrophomonas maltophilia*: An emerging global opportunistic pathogen. *Clinical Microbiology Reviews*, 25(1), 2-41. doi:10.1128/CMR.00019-11

- Buck, J. D. (1990). Potentially pathogenic marine *Vibrio* species in seawater and marine animals in the Sarasota, Florida, area. *Journal of coastal research*, 943-948.
- Buck, J. D., Wells, R. S., Rhinehart, H. L., & Hansen, L. J. (2006). Aerobic microorganisms associated with free ranging bottlenose dolphins in coastal Gulf of Mexico and Atlantic Ocean waters. *Journal of Wildlife Diseases*, 42(3), 536-544.
- Burkovski, A. (2014). *Diphtheria* and its etiological agents. In *Corynebacterium diphtheriae* and Related Toxigenic Species (pp. 1-14). *Springer Netherlands*.
- Cabrera, M. E., Vázquez, C., & Quiñones, E. I. (2004). Serologic and molecular characterization of *Vibrio parahaemolyticus* strains isolated from seawater and fish products of the Gulf of Mexico. *Applied and environmental microbiology*, 70(11), 6401-6406.
- Calva, B., Georgina, L., & Torres, R. (2000). Distribución de carbohidratos, carbono y nitrógeno orgánico en sedimentos de tres lagunas costeras del Golfo de México. *Hidrobiológica*, 10(2), 101-114.
- Calva, E. (Sin fecha). *Salmonella typhi* y la fiebre tifoidea: de la biología molecular a la salud pública. En E. Martínez., J. C. Martínez. (Ed), *Microbios* (Cap.4). Centro de investigación sobre fijación de nitrógeno, UNAM. México. <http://www.biblioweb.tic.unam.mx/libros/microbios/>
- Cantet, F., Hervio-Heath, D., Caro, A., Le Mennec, C., Monteil, C., Quéméré, C., ... & Monfort, P. (2013). Quantification of *Vibrio parahaemolyticus*, *Vibrio vulnificus* and *Vibrio cholerae* in French Mediterranean coastal lagoons. *Research in microbiology*, 164(8), 867-874.
- Carbone, M., Maugeri, T. L., Gugliandolo, C., La Camera, E., Biondo, C., & Fera, M. T. (2005). Occurrence of *Helicobacter pylori* DNA in the coastal environment of southern Italy (Straits of Messina). *Journal of Applied microbiology*, 98(3), 768-774.
- Cardona, N. M., Sánchez, M. M., Usuga, L. Y., Arboleda, M., Garzón, E., Vélez, A., . & Agudelo, C. I. (2007). Caracterización de dos brotes de fiebre tifoidea en Apartadó, Antioquia, 2005. *Biomédica*, 27(2), 236-43.
- Carroll, L., Casanova, R., & Bruewer, A. (2012). *Vibrio splendidus*. Retrieved 11 5, 2016, from Microbewiki: https://microbewiki.kenyon.edu/index.php/Vibrio_splendidus
- Castro, R. A., Quecine, M. C., Lacava, P. T., Batista, B. D., Luvizotto, D. M., Marcon, J., ... & Azevedo, J. L. (2014). Isolation and enzyme bioprospection of endophytic bacteria associated with plants of Brazilian mangrove ecosystem. *SpringerPlus*, 3(1), 382.
- Cellini, L., Vecchio, A. D., Candia, M. D., Campli, E. D., Favaro, M., & Donelli, G. (2004). Detection of free and plankton-associated *Helicobacter pylori* in seawater. *Journal of Applied Microbiology*, 97(2), 285-292.

- Centeno, J. A., Menendez, S., Hermida, M. A., & Rodriguez-Otero, J. L. (1999). Effects of the addition of *Enterococcus faecalis* in Cebreiro cheese manufacture. *International journal of food microbiology*, 48(2), 97-111.
- Chantarasiri, A. (2015). Aquatic *Bacillus cereus* JD0404 isolated from the muddy sediments of mangrove swamps in Thailand and characterization of its cellulolytic activity. *The Egyptian Journal of Aquatic Research*, 41(3), 257-264.
- Chávez, M., Sedas, V. P., Borunda, E. O., & Reynoso, F. L. (2005). Influence of water temperature and salinity on seasonal occurrences of *Vibrio cholerae* and enteric bacteria in oyster producing areas of Veracruz, México. *Marine Pollution Bulletin*, 50(12), 1641-1648.
- Chen, Y., Yen, Y., Yang, C., Lee, M., Ho, C., Mena, K., . . . 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
- Chittapun, S., Limbipichai, S., Amnuaysin, N., Boonkerd, R., & Charoensook, M. (2017). Effects of using Cyanobacteria and fertilizer on growth and yield of rice, Pathum Thani I: a pot experiment. *Journal of Applied Phycology*, 1-7.
- Chiu, T. H., Kao, L. Y., & Chen, M. L. (2013). Antibiotic resistance and molecular typing of *Photobacterium damsela* subsp. *damsela*, isolated from seafood. *Journal of applied microbiology*, 114(4), 1184-1192.
- Cirés, S., Wörmer, L., Agha, R., & Quesada, A. (2013). Overwintering populations of *Anabaena*, *Aphanizomenon* and *Microcystis* as potential inocula for summer blooms. *Journal of plankton research*, fbt081.
- Coenye, T., & Vandamme, P. (2003). Diversity and significance of *Burkholderia* species occupying diverse ecological niches. *Environmental Microbiology*, 5(9), 719-729.
- Colagross, A. M., Mazet, J. A., Gulland, F. M., Miller, M. A., & Hietala, S. (2002). Diagnosis and seroprevalence of leptospirosis in California sea lions from coastal California. *Journal of Wildlife Diseases*, 38(1), 7-17.
- Colapietro, M., Endimiani, A., Sabatini, A., Marcocchia, F., Celenza, G., Segatore, B., ... & Perilli, M. (2016). BlaB-15, A new BlaB metallo- β -lactamase variant found in an *Elizabethkingia miricola* clinical isolate. *Diagnostic microbiology and infectious disease*, 85(2), 195-197.
- Collin, B., Rehnstam-Holm, A. S., Ehn Börjesson, S. M., Mussagy, A., & Hernroth, B. (2013). Characteristics of potentially pathogenic *Vibrios* from subtropical Mozambique compared with isolates from tropical India and boreal Sweden. *FEMS microbiology ecology*, 83(2), 255-264.

- Colwell, R. R., Kaper, J., & Joseph, S. W. (1977). *Vibrio cholerae*, *Vibrio parahaemolyticus*, and other *Vibrios*: occurrence and distribution in Chesapeake Bay. *Science*, 198(4315), 394-396.
- Cong, M. I. N. G., Chuang, M. O., Xiao, W. U., & Xiao, L. I. (2014). Isolation of a biosurfactant producing bacteria and its removal of heavy metals in sludge. *Journal of Guangxi University* (Natural Science Edition), 3, 020.
- Conley, L. F., Towner, S. G., Wolford, R. S., Stephenson, T. E., McNamara, A. M., Wadowsky, R. M., & Yee, R. B. (1987). An alkaline approach to treating cooling towers for control of *Legionella pneumophila*. *Applied and environmental microbiology*, 53(8), 1775-1779.
- Corning, P. A. (2002). The re-emergence of “emergence”: A venerable concept in search of a theory. *Complexity*, 7(6), 18-30.
- Covert, T. C., Rodgers, M. R., Reyes, A. L., & Stelma, G. N. (1999). Occurrence of nontuberculous *Mycobacteria* in environmental samples. *Applied and environmental microbiology*, 65(6), 2492-2496.
- Crossman, L. C., Gould, V. C., Dow, J. M., Vernikos, G. S., Okazaki, A., Sebaihia, M., . & Adlem, E. (2008). The complete genome, comparative and functional analysis of *Stenotrophomonas maltophilia* reveals an organism heavily shielded by drug resistance determinants. *Genome biology*, 9(4), R74.
- Crossman, L., Sebaihia, M., Cerdeño-Tárraga, A., & Parkhill, J. (2004). Sequencing the environment. *Nature Reviews Microbiology*, 2(3), 184-185.
- Cruz, A., Caetano, T., Suzuki, S., & Mendo, S. (2007). *Aeromonas veronii*, a tributyltin (TBT) degrading bacterium isolated from an estuarine environment, Ria de Aveiro in Portugal. *Marine environmental research*, 64(5), 639-650.
- Curiel, F., Quiñones, E. I., Pless, R. C., & González, E. (2012). Comparative studies on *Enterococcus*, *Clostridium perfringens* and *Staphylococcus aureus* as quality indicators in tropical seawater at a Pacific Mexican beach resort. *Marine pollution bulletin*, 64(10), 2193-2198.
- Daniels, N. A., & Shafaie, A. (2000). A review of pathogenic *Vibrio* infections for clinicians. *Infections in medicine*, 17(10), 665-685.
- Davidson, M. C., Berardi, T., Aguilar, B., Byrne, B. A., & Shapiro, K. (2015). Effects of transparent exopolymer particles and suspended particles on the survival of *Salmonella enterica* serovar *Typhimurium* in seawater. *FEMS microbiology ecology*, 91(3), fiv005.
- Dawson, J. E., Childs, J. E., Biggie, K. L., Moore, C., Stallknecht, D., Shaddock, J., ... & Olson, J. G. (1994). White tailed deer as a potential reservoir of *Ehrlichia* spp. *Journal of Wildlife Diseases*, 30(2), 162-168.

- 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 Jesus, V. A., Swigris, J., & Ruoss, S. J. (2008). Coexistence of primary adenocarcinoma of the lung and *Tsukamurella* infection: a case report and review of the literature. *Journal of medical case reports*, 2(1), 207.
- de la Lanza, G. (2001). Características físico-químicas de los mares de México (Vol. 1). UNAM, Plaza y Valdes.
- de la Lanza, G., & Montes, H. (1999). Comparación físicoquímica de las lagunas de Alvarado y Términos. *Hidrobiológica*, 9(1).
- de Mesa, J. B. L., Quintero, G., Vizcaíno, A. L. G., Cáceres, D. C. J., Riaño, S. M. G., & García, J. M. (2006). Bioremediación de suelos contaminados con hidrocarburos derivados del petróleo. *Nova*, 4(5).
- Delafont, V., Samba-Louaka, A., Cambau, E., Bouchon, D., Moulin, L., & Héchard, Y. (2017). *Mycobacterium llatzerense*, a waterborne *Mycobacterium*, that resists phagocytosis by *Acanthamoeba castellanii*. *Scientific Reports*, 7.
- DePaola, A., Hopkins, L. H., Peeler, J. T., Wentz, B., & McPhearson, R. M. (1990). Incidence of *Vibrio parahaemolyticus* in US coastal waters and oysters. *Applied and Environmental Microbiology*, 56(8), 2299-2302.
- Deshmukh, R. A., Joshi, K., Bhand, S., & Roy, U. (2016). Recent developments in detection and enumeration of waterborne bacteria: a retrospective minireview. *MicrobiologyOpen*, 5(6), 901-922.
- Di Bonito, R., Marone, A., Massini, G., Patriarca, C., Rosa, S., Signorini, A., . & Izzo, G. (2013). Characterization by length heterogeneity (LH) PCR of a hydrogen producing community obtained in dark fermentation using coastal lake sediment as an inoculum. *Energy, Sustainability and Society*, 3(1), 3.
- DIGAOHM. (Sin fecha). Secretaria de Marina, Armada de México. Recuperado el 10 de 11 de 2015, de <http://digaohm.semar.gob.mx/cuestionarios/cnarioSisal.pdf>
- Ding, J., Lei, J., Ma, X., Gong, J., & Qin, W. (2014). Potentiometric aptasensing of *Listeria monocytogenes* using protamine as an indicator. *Analytical chemistry*, 86(19), 9412-9416.
- Domann, E., Hain, T., Ghai, R., Billion, A., Kuenne, C., Zimmermann, K., & Chakraborty, T. (2007). Comparative genomic analysis for the presence of potential enterococcal virulence factors in the probiotic *Enterococcus faecalis* strain Symbioflor 1. *International Journal of Medical Microbiology*, 297(7), 533-539.

- Dudhagara, P., Ghelani, A., Patel, R., Chaudhari, R., & Bhatt, S. (2015). Bacterial tag encoded FLX titanium amplicon pyrosequencing (bTEFAP) based assessment of prokaryotic diversity in metagenome of Lonar soda lake, India. *Genomics data*, 4, 8-11.
- Dufour, A. P., & Cabelli, V. J. (1975). Membrane filter procedure for enumerating the component genera of the coliform group in seawater. *Applied microbiology*, 29(6), 826-833.
- Dumontet, S., Krovacek, K., Svenson, S. B., Pasquale, V., Baloda, S. B., & Figliuolo, G. (2000). Prevalence and diversity of *Aeromonas* and *Vibrio* spp. in coastal waters of Southern Italy. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 23(1), 53-72.
- Eguiarte, L., Souza, V., & Aguirre, X. (2007). *Ecología molecular* (Vol. 1). (I. N. Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales, Ed.) México D.F.
- Eisen, L., Wong, D., Shelus, V., & Eisen, R. J. (2013). What is the risk for exposure to vector borne pathogens in United States national parks?. *Journal of medical entomology*, 50(2), 221-230.
- Ellis, J., Oyston, P.C., Green, M., and Titball, R.W. (2002) Tularemia. *Clin Microbiol Rev* 15: 631-646.
- EPA. (1986). U.S. Environmental Protection Agency. Quality criteria for water. Office of water regulations and standards, Washington, DC (1986)
- Epstein, P. R., & Rapport, D. J. (1996). Changing coastal marine environments and human health. *Ecosystem Health*, 2(3), 173-176
- Erguven, G. O., & Bayhan, H. (2016). Role of some isolated soil cultures on reduction of herbicide Trifluralin. *Fresenius Environmental Bulletin*. Volume 25 – No. 11/2016, pages 5018-5026
- Escobar, N., Zeledón, T., & Keyly, D. (2015). *Shigella* spp (Doctoral dissertation, Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua, Managua).
- Eslava, C. A., Rosas, I., Solano, M., Delgado, G., Ramírez, M., Villaseca, J. M., & Cravioto, A. (2004). *Vibrio cholerae*: bacteria ambiental con diferentes tipos de vida. Retrieved 11 7, 2016, del Instituto Nacional de Ecología: <http://www2.inecc.gob.mx/publicaciones/libros/440/cap2.html>
- Falcão, J. P., Brocchi, M., Proença-Módena, J. L., Acrani, G. O., Corrêa, E. F., & Falcão, D. P. (2004). Virulence characteristics and epidemiology of *Yersinia enterocolitica* and *yersiniae* other than *Y. pseudotuberculosis* and *Y. pestis* isolated from water and sewage. *Journal of Applied Microbiology*, 96(6), 1230-1236. doi:10.1111/j.1365-2672.2004.02268.x

- 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>
- Faust, M.A. (1993). Three new benthic species of *Prorocentrum* (Dinophyceae) from Twin Cays, Belize: *P. maculosum* sp. nov., *P. foraminosum* sp. nov. and *P. formosum* sp. nov. *Phycologia* 32: 410-418.
- Ferguson, D. M., Moore, D. F., Getrich, M. A., & Zhouandai, M. H. (2005). Enumeration and speciation of *enterococci* found in marine and intertidal sediments and coastal water in southern California. *Journal of Applied Microbiology*, 99(3), 598-608.
- Ferreira, F. E., Olaya, S. X., Zúñiga, P., & Angulo, M. (2005). Infección urinaria durante el embarazo, perfil de resistencia bacteriana al tratamiento en el Hospital General de Neiva, Colombia. *Revista Colombiana de obstetricia y ginecología*, 56(3), 239-243.
- Figueroa, E. (Ed.). (2005). Biodiversidad marina: valoración, usos y perspectivas: ¿hacia dónde va Chile?. Editorial Universitaria.
- Figueroa, S. (2012). Universidad de San Carlos, Facultad de Ciencias Médicas. Recuperado el 3 de 11 de 2015, de <https://saludpublicayepi.files.wordpress.com/2012/06/documento-3er-parcial-compilacion-4-documentos.pdf>
- Fiorentini, C., Barbieri, E., Falzano, L., Matarrese, P., Baffone, W., Pianetti, A., . & Casiere, A. (1998). Occurrence, diversity and pathogenicity of mesophilic *Aeromonas* in estuarine waters of the Italian coast of the Adriatic Sea. *Journal of Applied Microbiology*, 85(3), 501-511.
- Fliermans, C. B., Cherry, W. B., Orrison, L. H., Smith, S. J., Tison, D. L., & Pope, D. H. (1981). Ecological distribution of *Legionella pneumophila*. *Applied and Environmental Microbiology*, 41(1), 9-16.
- Freer, E., & Castro-Arce, R. (2001). *Brucella*: una bacteria virulenta carente de los factores de virulencia clásicos. *Revista Costarricense de Ciencias Médicas*, 22(1-2), 73-82.
- Friman, V. P., Hiltunen, T., Jalasvuori, M., Lindstedt, C., Laanto, E., Örmälä, A. M.,... & Bamford, J. K. (2011). High temperature and bacteriophages can indirectly select for bacterial pathogenicity in environmental reservoirs. *PloS one*, 6(3), e17651.
- FSPH. (2009). The Center for Food Security and Public Health, Iowa State University. Recuperado el 15 de 04 de 2017, de <http://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/es/psittacosis-es.pdf>
- Fuhrman, J. A., Hewson, I., Schwalbach, M. S., Steele, J. A., Brown, M. V., & Naeem, S. (2006). Annually reoccurring bacterial communities are predictable from ocean conditions. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(35), 13104-13109.

- Gaceta Ecológica (1990). Acuerdo por el que se establecen los Criterios Ecológicos de Calidad del Agua. CE-CCA- 001/89. Gaceta Ecológica. Vol. II, núm. 6, 4 pp.
- Gaci, R., Alauzet, C., Selton-Suty, C., Lozniewski, A., Pulcini, C., May, T., & Goehringer, F. (2017). *Francisella tularensis* endocarditis: two case reports and a literature review. *Infectious Diseases*, 49(2), 128-131.
- Gales, A. C., Jones, R. N., Forward, K. R., Linares, J., Sader, H. S., & Verhoef, J. (2001). Emerging importance of multidrug resistant *Acinetobacter* species and *Stenotrophomonas maltophilia* as pathogens in seriously ill patients: geographic patterns, epidemiological features, and trends in the SENTRY Antimicrobial Surveillance Program (1997–1999). *Clinical Infectious Diseases*, 32(Supplement 2), S104-S113.
- Garay, E., Arnau, A., & Amaro, C. (1985). Incidence of *Vibrio cholerae* and related vibrios in a coastal lagoon and seawater influenced by lake discharges along an annual cycle. *Applied and environmental microbiology*, 50(2), 426-430.
- 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.
- Garrity, G., Staley, J. T., Boone, D. R., De Vos, P., Goodfellow, M., Rainey, F. A., & Schleifer, K. H. (2006). *Bergey's Manual® of Systematic Bacteriology: Volume Two: The Proteobacteria*. D. J. Brenner, & N. R. Krieg (Eds.). Springer Science & Business Media.
- Gatesoupe, F. J. (1997). Siderophore production and probiotic effect of *Vibrio* sp. associated with turbot larvae, *Scophthalmus maximus*. *Aquatic Living Resources*, 10(4), 239-246.
- Gavilán, I., Vélez, G., & Santos, E. (2011). Facultad de química, Universidad Nacional Autónoma de México. Bioseguridad y agentes infecciosos. Recuperado el 15 de 3 de 2017 de <http://depa.fquim.unam.mx/bioseguridad/agentes/bacterias>
- Ghinsberg, R. C., Bar, D. L., Rogol, M., Sheinberg, Y., & Nitzan, &. (1993). Monitoring of selected bacteria and fungi in sand and sea water along the Tel Aviv coast. *Microbios*, 77(310), 29-40.
- Ghinsberg, R. C., Drasinover, V., Sheinberg, Y., & Nitzan, Y. (1995). Seasonal distribution of *Aeromonas hydrophila* and *Vibrio* species in Mediterranean coastal water and beaches: a possible health hazard. *Biomedical Letters*, 51(203), 151-159.
- Gil, A. I., Louis, V. R., Rivera, I. N., Lipp, E., Huq, A., Lanata, C. F., ... & Colwell, R. R. (2004). Occurrence and distribution of *Vibrio cholerae* in the coastal environment of Peru. *Environmental microbiology*, 6(7), 699-706.
- Godfroid, J. (2002). Brucellosis in wildlife. *Revue Scientifique et Technique-Office international des épizooties*, 21(1), 277-286.

- Gold, W. L., & Salit, I. E. (1993). *Aeromonas hydrophila* infections of skin and soft tissue: report of 11 cases and review. *Clinical Infectious Diseases*, 16(1), 69-74.
- Gómez, B., Thompson, C., Matsumura, Y., Sawabe, T., Iida, T., Christen, R., Sawabe, T. (2014). The family vibrionaceae. The prokaryotes: Gammaproteobacteria (pp. 659-747) doi:10.1007/978-3-642-38922-1_225
- González, A., Paranhos, R., & Lutterbach, M. (2010). Relationships between fecal indicators and pathogenic microorganisms in a tropical lagoon in Rio de Janeiro, Brazil. *Environmental monitoring and assessment*, 164(1-4), 207-219.
- González, M. I., Torres, T., Chiroles, S., Valdés, M., & Domínguez, I. (2004). *Aeromonas* sp.: patógenos emergentes a considerar en aguas. *Revista electrónica de la Agencia de Medio Ambiente*(6).
- González, M., Villanueva, M., Latif, F., Fernández, F., & Fernández, H. (2009). Isolation of *Plesiomonas shigelloides* and *Aeromonas veronii* biotype sobria from South American sea lion, *Otaria flavescens* (Shaw, 1800) feces. *Revista de biología marina y oceanografía*, 44(3), 763-765.
- González, N., Zamora, J., Pérez, C., Salazar, E., Pérez, E., & Hernández, A. (2016). Modelación de la influencia del pH y la temperatura en la velocidad de crecimiento de *Tsukamurella paurometabola* C-924. *Tecnología Química*, 29(1), 59-62.
- Goodell, K. H., Jordan, M. R., Graham, R., Cassidy, C., and Nasraway, S. A. (2004). Rapidly advancing necrotizing fasciitis caused by *Photobacterium (Vibrio) damsela*: a hyperaggressive variant. *Crit. Care Med.* 32, 278-281. doi: 10.1097/01.CCM.0000104920.01254.82
- Goodwin, K. D., McNay, M., Cao, Y., Ebentier, D., Madison, M., & Griffith, J. F. (2012). A multi-beach study of *staphylococcus aureus*, MRSA, and *enterococci* in seawater and beach sand. *Water Research*, 46(13), 4195-4207. doi:10.1016/j.watres.2012.04.001
- Google Earth. (2016). Google Earth. Recuperado el 12 de 04 de 2017
- Gorski, L., Parker, C. T., Liang, A. S., Walker, S., & Romanolo, K. F. (2016). The majority of genotypes of the virulence gene *inlA* are intact among natural watershed isolates of *Listeria monocytogenes* from the central California Coast. *PLoS One*, 11(12), e0167566.
- Gray, M. D., Lacher, D. W., Leonard, S. R., Abbott, J., Zhao, S., Lampel, K. A., . & Maurelli, A. T. (2015). Prevalence of Shiga toxin-producing *Shigella* species isolated from French travellers returning from the Caribbean: an emerging pathogen with international implications. *Clinical Microbiology and Infection*, 21(8), 765-e9.
- Green, A. J., & Setterdahl, A. (2012). Characterization of *Rhodobacter sphaeroides* gene RSP1977. *Journal of Student Research*, 1(1), 33-38.

- Grisi, T., & Gorchach, K. (2010). The abundance of some pathogenic bacteria in mangrove habitats of Paraíba do Norte estuary and crabmeat contamination of mangrove crab *Ucides cordatus*. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 53(1), 227-234. <https://dx.doi.org/10.1590/S1516-89132010000100028>
- Gruft, H., Falkinham, J. O., & Parker, B. C. (1981). Recent experience in the epidemiology of disease caused by atypical *Mycobacteria*. *Review of Infectious Diseases*, 3(5), 990-996.
- Guerrero, C. (2012). Biodegradation of organic pollutants, reduction of metals and energy generation involving *Clostridium* sp. Clostridia: Biotechnology, medicinal applications and implications (pp. 1-53)
- Gutiérrez, J. (2010). Variación espacio temporal de los parámetros físico-químicos, clorofila y nutrientes en la Laguna de Tampamachoco-Veracruz (Golfo de México Occidental). (Tesis de maestría). Universidad Veracruzana, Tuxpan-Veracruz.
- Gutiérrez, S., & Gómez, S. (2010). Determinación de bacterias aerotransportadas en los barrios de Soratama y San Cristobal norte, Bogotá D.C.. *Investigación y Ciencia del Gimnasio Campestre*. (1), 7-15.
- 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
- Hall, M., Chattaway, M. A., Reuter, S., Savin, C., Strauch, E., Carniel, E. & Jenkins, C. (2015). Use of whole-genus genome sequence data to develop a multilocus sequence typing tool that accurately identifies *Yersinia* isolates to the species and subspecies levels. *Journal of clinical microbiology*, 53(1), 35-42.
- Halliday, E., & Gast, R. J. (2011). Bacteria in beach sands: an emerging challenge in protecting coastal water quality and bather health. *Environmental science & technology*, 45(2), 370.
- Halling, S. M., Peterson-Burch, B. D., Bricker, B. J., Zuerner, R. L., Qing, Z., Li, L. L. & Olsen, S. C. (2005). Completion of the genome sequence of *Brucella abortus* and comparison to the highly similar genomes of *Brucella melitensis* and *Brucella suis*. *Journal of Bacteriology*, 187(8), 2715-2726.
- Hamed, S. B., Smii, L., Ghram, A., & Maaroufi, A. (2012). Screening of potential biosurfactant-producing bacteria isolated from seawater biofilm. *African Journal of Biotechnology*, 11(77), 14153-14158.
- Hardalo, C., & Edberg, S. C. (1997). *Pseudomonas aeruginosa*: assessment of risk from drinking water. *Critical reviews in microbiology*, 23(1), 47-75.

- Hardina, C. M., & Fujioka, R. S. (1991). Soil: the environmental source of *Escherichia coli* and *enterococci* in Hawaii's streams. *Environmental toxicology and water quality*, 6(2), 185-195.
- Harwood, V. J., Staley, C., Badgley, B. D., Borges, K., & Korajkic, A. (2014). Microbial source tracking markers for detection of fecal contamination in environmental waters: relationships between pathogens and human health outcomes. *FEMS microbiology reviews*, 38(1), 1-40.
- Hassanshahian, M., Ahmadinejad, M., Tebyanian, H., & Kariminik, A. (2013). Isolation and characterization of alkane degrading bacteria from petroleum reservoir waste water in Iran (Kerman and Tehran provenances). *Marine pollution bulletin*, 73(1), 300-305.
- Hazen, T. C., Fliermans, C. B., Hirsch, R. P., & Esch, G. W. (1978). Prevalence and distribution of *Aeromonas hydrophila* in the United States. *Applied and Environmental Microbiology*, 36(5), 731-738.
- Head, I. M., Jones, D. M., & Röling, W. F. (2006). Marine microorganisms make a meal of oil. *Nature Reviews Microbiology*, 4(3), 173-182.
- Heap, J. T., Pennington, O. J., Cartman, S. T., & Minton, N. P. (2009). A modular system for *Clostridium shuttle* plasmids. *Journal of microbiological methods*, 78(1), 79-85.
- Heap, J. T., Pennington, O. J., Cartman, S. T., Carter, G. P., & Minton, N. P. (2007). The Clostron: a universal gene knock-out system for the genus *Clostridium*. *Journal of microbiological methods*, 70(3), 452-464.
- Hedayati, M. T., Pasqualotto, A. C., Warn, P. A., Bowyer, P., & Denning, D. W. (2007). *Aspergillus flavus*: human pathogen, allergen and mycotoxin producer. *Microbiology*, 153(6), 1677-1692.
- Heidelberg, J.F., Heidelberg, K.B. and Colwell, R.R. (2002) Seasonality of Chesapeake Bay bacterio-plankton species. *Appl Environ Microbiol* 68, 5488–5497.
- Helgason, E., Økstad, O. A., Caugant, D. A., Johansen, H. A., Fouet, A., Mock, M. & Kolstø, A. B. (2000). *Bacillus anthracis*, *Bacillus cereus*, and *Bacillus thuringiensis* one species on the basis of genetic evidence. *Applied and environmental microbiology*, 66(6), 2627-2630.
- Hernández, F. (2000). Nitrógeno, fósforo y cociente C/N en los sedimentos superficiales de la laguna de Chacopata, Sucre, Venezuela. Vigésima Novena Reunión: Instituto Oceanográfico de Venezuela, Universidad de Oriente, 48(Supl 1), 261-268.
- 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.

- Herrera, J. A. (2006). Lagunas costeras de Yucatán (SE, México): investigación, diagnóstico y manejo. *Ecotrópicos*, 19(2), 94-108.
- Herrera, J. A., Martín, M., & Díaz, V. (1999). Variaciones del fitoplancton en cuatro lagunas costeras del Estado de Yucatán, México. *Rev. Biol. Trop.*, 47(s1).
- Herrera, J. A., Zaldivar, A., Teutli, C., Pérez, R., & Caamal, J. (2010). Los manglares de Yucatán y el cambio climático global. Cambio climático en México un Enfoque Costero-Marino. Universidad Autónoma de Campeche Cety's Universidad, Gobierno del Estado de Campeche. México, 421-436.
- Herrero, S. (2016). Formalización del concepto de salud a través de la lógica: impacto del lenguaje formal en las ciencias de la salud. *Ene*, 10(2) Recuperado en 20 de febrero de 2017, de http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1988-348X2016000200006&lng=es&tlng=pt.
- Hervio, D., Colwell, R. R., Derrien, A., Robert-Pillot, A., Fournier, J. M., & Pommepuy, M. (2002). Occurrence of pathogenic vibrios in coastal areas of France. *Journal of applied microbiology*, 92(6), 1123-1135.
- Hirad, A. H., Bahkali, A. H., Santhapa, C., Al-Sum, B. A., Khiyami, M., Mohammed, A., & Elgorban, A. (2014). Bioactivity of marine *Bacillus licheniformis* ksawd 3 isolated from Arabian Gulf, Saudi Arabia. *Journal of Pure and Applied Microbiology*, 8(1), 607-613.
- Holden, M. T., Titball, R. W., Peacock, S. J., Cerdeño-Tárraga, A. M., Atkins, T., Crossman, L. & Sebaihia, M. (2004). Genomic plasticity of the causative agent of melioidosis, *Burkholderia pseudomallei*. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 101(39), 14240-14245.
- Hollaway, S. L., Faw, G. M., & Sizemore, R. K. (1980). The bacterial community composition of an active oil field in the Northwestern Gulf of Mexico. *Marine Pollution Bulletin*, 11(6), 153-156.
- Holman, C. B., Bachoon, D. S., Otero, E., & Ramsubhag, A. (2014). Detection of *Helicobacter pylori* in the coastal waters of Georgia, Puerto Rico and Trinidad. *Marine pollution bulletin*, 79(1), 354-358.
- Hood, M. A., & Ness, G. E. (1982). Survival of *Vibrio cholerae* and *Escherichia coli* in estuarine waters and sediments. *Applied and Environmental Microbiology*, 43(3), 578-584.
- Hooi, J. K., Lai, W. Y., Ng, W. K., Suen, M. M., Underwood, F. E., Tanyingoh, D., ... & Chan, F. K. (2017). Global Prevalence of *Helicobacter pylori* Infection: Systematic Review and Meta-analysis. *Gastroenterology*. 10.1053/j.gastro.
- Hörman, A., Rimhanen-Finne, R., Maunula, L., von Bonsdorff, C. H., Torvela, N., Heikinheimo, A., ... & Hänninen, M. L. (2004). *Campylobacter* spp., *Giardia* spp., *Cryptosporidium* spp., noroviruses, and indicator organisms in surface water in

- southwestern Finland, 2000-2001. *Applied and Environmental Microbiology*, 70(1), 87-95.
- Huang, S. C., Wang, Y. K., Huang, W. T., Kuo, T. M., Yip, B. S., Li, T. H. T., & Wu, T. K. (2015). Potential antitumor therapeutic application of *Grimontia hollisae* thermostable direct hemolysin mutants. *Cancer science*, 106(4), 447-454.
- Huisman, J., Sharples, J., Stroom, J. M., Visser, P. M., Kardinaal, W. E. A., Verspagen, J. M., & Sommeijer, B. (2004). Changes in turbulent mixing shift competition for light between phytoplankton species. *Ecology*, 85(11), 2960-2970.
- Huss, H. H. (1980). Distribution of *Clostridium botulinum*. *Applied and environmental microbiology*, 39(4), 764-769.
- Ibtissam, C., Hassane, R., José, M. L., Francisco, D. S. J., Antonio, G. V. J., Hassan, B., & Mohamed, K. (2009). Screening of antibacterial activity in marine green and brown macroalgae from the coast of Morocco. *African Journal of Biotechnology*, 8(7), 1258.
- INEGI. (2010). Instituto Nacional de Estadística y Geografía, Censo de población y vivienda 2010, Recuperado el 25 de 4 de 2017, de <http://www.inegi.org.mx/est/contenidos/Proyectos/ccpv/>
- INNSZ. (2013). Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán. (L. d. Patógenos, Editor) Recuperado el 30 de 10 de 2015, de <http://www.innsz.mx/opencms/contenido/medicina/subEpidemiologia/listapatogenos.html>
- Jacobsen, B. J., Zidack, N. K., & Larson, B. J. (2004). The role of *Bacillus* based biological control agents in integrated pest management systems: plant diseases. *Phytopathology*, 94(11), 1272-1275.
- Jafari, S. A., Cheraghi, S., Mirbakhsh, M., Mirza, R., & Maryamabadi, A. (2015). Employing response surface methodology for optimization of mercury bioremediation by *Vibrio parahaemolyticus* PG02 in coastal sediments of Bushehr, Iran. *CLEAN-Soil, Air, Water*, 43(1), 118-126.
- Jain, P. K., & Bajpai, V. (2012). Biotechnology of bioremediation-a review. *Int. J. Environ. Sci*, 3(1), 535-549.
- Janda, J. M., & Duffey, P. S. (1988). Mesophilic aeromonads in human disease: current taxonomy, laboratory identification, and infectious disease spectrum. *Review of Infectious Diseases*, 10(5), 980-997.
- Jean, S., Lee, W. S., Chen, F. L., Ou, T. Y., & Hsueh, P. R. (2014). *Elizabethkingia meningoseptica*: an important emerging pathogen causing healthcare-associated infections. *Journal of Hospital Infection*, 86(4), 244-249.
- Jensen, S., Samuelsen, O. B., Andersen, K., Torkildsen, L., Lambert, C., Choquet, G., & Bergh, Ø. (2003). Characterization of strains of *Vibrio splendidus* and *V. tapetis* isolated

- from corkwing wrasse *Symphodus melops* suffering vibriosis. *Diseases of Aquatic Organisms*. Vol. 53: 25–31, 2003
- Ji, X., Li, S., Wang, B., Zhang, Q., Lin, L., Dong, Z., & Wei, Y. (2015). Expression, purification and characterization of a functional, recombinant, cold-active lipase (LipA) from psychrotrophic *Yersinia enterocolitica*. *Protein expression and purification*, 115, 125-131.
- Jiva, T. M., Jacoby, H. M., Weymouth, L. A., Kaminski, D. A., & Portmore, A. C. (1997). *Mycobacterium xenopi*: innocent bystander or emerging pathogen?. *Clinical infectious diseases*, 24(2), 225-232.
- Jorgel, R. J., Redondo, P. N., & Dosta, M. M. (2016). Bacterial load comparison of marine fish collected and commercially obtained for human consumption in western region of Yucatan Peninsula, Mexico. *International Journal of Aquatic Science*, 7(1), 6-12.
- Joseph, S., Carnahan, A., Rollins, D., & Walker, R. I. (1988). *Aeromonas* and *pleisiomonas* in the environment: Value of differential biotyping of aeromonads. *Journal of Diarrhoeal Diseases Research*, 6(2), 80-87.
- Juliet, C & Fernández, A. (2006). *Stenotrophomonas maltophilia*. *Revista chilena de infectología*, 23(3), 247-248. <https://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182006000300009>
- Kaczorek, E., Urbanowicz, M., & Olszanowski, A. (2010). The influence of surfactants on cell surface properties of *Aeromonas hydrophila* during diesel oil biodegradation. *Colloids and Surfaces B: Biointerfaces*, 81(1), 363-368.
- Kafilzadeh, F., Rezaei, A., & Nejad, M. J. N. (2013). Evaluation of phenanthrene biodegradation by indigenous bacteria isolated from mangrove sediments in the Persian Gulf. *Advances in Environmental Biology*, 2218-2225.
- Kamal, N., Sabaratnam, V., Abdullah, N., Ho, A. S., Teo, S. H., & Lee, H. B. (2009). Light-activated cytotoxic compounds from Malaysian microorganisms for photodynamic therapy of cancer. *Antonie van Leeuwenhoek*, 95(2), 179-188.
- Kang, B. S., Seo, J. G., Lee, G. S., Kim, J. H., Kim, S. Y., Han, Y. W., ... & Park, Y. M. (2009). Antimicrobial activity of enterocins from *Enterococcus faecalis* SL-5 against *Propionibacterium acnes*, the causative agent in acne vulgaris, and its therapeutic effect. *The Journal of Microbiology*, 47(1), 101-109.
- Kaper, J. B., Lockman, H., Colwell, R. R., & Joseph, S. W. (1981). *Aeromonas hydrophila*: ecology and toxigenicity of isolates from an estuary. *Journal of Applied Bacteriology*, 50(2), 359-377.
- Kapperud, G., & Rosef, O. (1983). Avian wildlife reservoir of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni*, *Yersinia* spp., and *Salmonella* spp. in Norway. *Applied and Environmental Microbiology*, 45(2), 375-380.

- Kaysner, C. A., Abeyta, C., Wekell, M. M., DePaola, A., Stott, R. F., & Leitch, J. M. (1987). Incidence of *Vibrio cholerae* from estuaries of the United States West Coast. *Applied and environmental microbiology*, 53(6), 1344-1348.
- Kazar, J. (2005). *Coxiella burnetii* infection. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1063(1), 105-114.
- Kelly, C. P., Pothoulakis, C., & LaMont, J. T. (1994). *Clostridium difficile* colitis. *New England Journal of Medicine*, 330(4), 257-262.
- Kelly, K. A., Koehler, J. M., & Ashdown, L. R. (1993). Spectrum of extraintestinal disease due to *Aeromonas species* in tropical Queensland, Australia. *Clinical infectious diseases*, 16(4), 574-579.
- Kersh, G. J., Fitzpatrick, K. A., Self, J. S., Priestley, R. A., Kelly, A. J., Lash, R. R., ... & Anderson, A. D. (2013). Presence and persistence of *Coxiella burnetii* in the environments of goat farms associated with a Q fever outbreak. *Applied and environmental microbiology*, 79(5), 1697-1703.
- Kersh, G. J., Wolfe, T. M., Fitzpatrick, K. A., Candee, A. J., Oliver, L. D., Patterson, N. E., ... & Massung, R. F. (2010). Presence of *Coxiella burnetii* DNA in the environment of the United States, 2006 to 2008. *Applied and environmental microbiology*, 76(13), 4469-4475.
- Kidd, M., & Modlin, I. M. (1998). A Century of *Helicobacter pylori*. *Digestion*, 59(1), 1-15.
- Killackey, S. A., Sorbara, M. T., & Girardin, S. E. (2016). Cellular Aspects of *Shigella* Pathogenesis: Focus on the Manipulation of Host Cell Processes. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 6.
- Kim, S. G., Kim, E. H., Lafferty, C. J., & Dubovi, E. (2005). *Coxiella burnetii* in bulk tank milk samples, United States. *Emerging infectious diseases*, 11(4), 619.
- Kimiran, A., Arslan, E. O., Gurun, S., & Altun, O. (2015). Determination of multiple antibiotic and heavy metal resistance of the bacteria isolated from the Kucukcekmece Lagoon, Turkey. *Polish Journal of Environmental Studies*, 24(3).
- King, A. M., Pretre, G., Bartpho, T., Sermswan, R. W., Toma, C., Suzuki, T., ... & Murray, G. L. (2014). High-temperature protein G is an essential virulence factor of *Leptospira interrogans*. *Infection and immunity*, 82(3), 1123-1131.
- Kloos, W. E., & Musselwhite, M. S. (1975). Distribution and persistence of *Staphylococcus* and *Micrococcus* species and other aerobic bacteria on human skin. *Applied microbiology*, 30(3), 381-395.
- Klyachko, O., Stein, B. D., Grindle, N., Clay, K., & Fuqua, C. (2007). Localization and visualization of a *Coxiella* type symbiont within the lone star tick, *Amblyomma americanum*. *Applied and environmental microbiology*, 73(20), 6584-6594.

- Knittler, M. R., & Sachse, K. (2015). *Chlamydia psittaci*: update on an underestimated zoonotic agent. *Pathogens and disease*, 73(1), 1-15.
- Kobayashi, J., Yoshimune, K., Komoriya, T. and Kohno, H. (2011). Efficient hydrogen production from acetate through isolated *Rhodobacter sphaeroides*. *Journal of Bioscience and Bioengineering*, 112(6), pp.602-605.
- Kodama, H., Hayashi, M., & Gyobu, Y. (1991). Surveys on the contamination of marine fish with non-O1 *Vibrio cholerae* and *Vibrio mimicus* and food poisoning cases by these organisms. *Kansenshogaku zasshi. The Journal of the Japanese Association for Infectious Diseases*, 65(2), 193-199.
- Kogure, K., & Koike, I. (1987). Particle counter determination of bacterial biomass in seawater. *Applied and environmental microbiology*, 53(2), 274-277.
- Kokare, C. R., Kadam, S. S., Mahadik, K. R., & Chopade, B. A. (2007). Studies on bioemulsifier production from marine *Streptomyces* sp. S1. *IJB*. Vol.06(1). CSIR. 78-84. 0972-5849. <http://hdl.handle.net/123456789/3020>
- Kokashvili, T., Whitehouse, C. A., Tskhvediani, A., Grim, C. J., Elbakidze, T., Mitaishvili, N., ... & Huq, A. (2015). Occurrence and diversity of clinically important *Vibrio* species in the aquatic environment of Georgia. *Frontiers in public health*, 3.
- 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*, 106(5), 993-1009.
- Kotala, S., Kawuri, R., & Gunam, I. B. W. (2014). The presence of mercury resistant bacteria in sediment of gold processing plant at Waekerta village of Buru district, Maluku province and their activity in reducing mercury. *Current World Environment*, 9(2), 271.
- Krishnan, K. A., & Keerthi, T. R. (2016). Comparative Evaluation of Bioactivities of two Marine Sponges, *Zygomycete parishii* and *Callyspongia diffusa* from Southwest Coast of India. *British Journal of Pharmaceutical Research*, 11(1).
- Kueh, C. S. W., Kutarski, P., & Brunton, M. (1992). Contaminated marine wounds the risk of acquiring acute bacterial infection from marine recreational beaches. *Journal of Applied Bacteriology*, 73(5), 412-420.
- Kulah, C., Mooij, M. J., Comert, F., Aktas, E., Celebi, G., Ozlu, N. & Savelkoul, P. H. (2010). Characterisation of carbapenem resistant *Acinetobacter baumannii* outbreak strains producing OXA-58 in Turkey. *International journal of antimicrobial agents*, 36(2), 114-118.
- Kwon, S. Y., Jiang, S. N., Zheng, J. H., Choy, H. E., & Min, J. J. (2014). *Rhodobacter sphaeroides*, a novel tumor targeting bacteria that emits natural near infrared fluorescence. *Microbiology and immunology*, 58(3), 172-179.

- Lakicevic, B., & Nastasijevic, I. (2017). *Listeria monocytogenes* in retail establishments: Contamination routes and control strategies. *Food Reviews International*, 33(3), 247-269. doi:10.1080/87559129.2016.1175017
- Lal, B., & Khanna, S. (1996). Degradation of crude oil by *Acinetobacter calcoaceticus* and *Alcaligenes odorans*. *Journal of applied bacteriology*, 81(4), 355-362.
- Lambert, C., Nicolas, J. L., Cilia, V., & Corre, S. (1998). *Vibrio pectenecida* sp. nov., a pathogen of scallop (*Pecten maximus*) larvae. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 48(2), 481-487.
- 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-Adeath, L. Alpuche Gual y G.J. Villalobos-Zapata (eds.). Cambio Climático en México un Enfoque Costero-Marino. Universidad Autónoma de Campeche CetysUniversidad, Gobierno del Estado de Campeche. 944 p.
- Layton, B. A., Walters, S. P., Lam, L. H., & Boehm, A. B. (2010). *Enterococcus* species distribution among human and animal hosts using multiplex PCR. *Journal of applied microbiology*, 109(2), 539-547.
- Le Roux, F., Gay, M., Lambert, C., Waechter, M., Poubalanne, S., Chollet, B. & Berthe, F. (2002). Comparative analysis of *Vibrio splendidus* related strains isolated during *Crassostrea gigas* mortality events. *Aquatic Living Resources*, 15(4), 251-258.
- Leahy, J. G., Tracy, K. D., & Eley, M. H. (2003). Degradation of mixtures of aromatic and chloroaliphatic hydrocarbons by aromatic hydrocarbon degrading bacteria. *FEMS microbiology ecology*, 43(2), 271-276.
- Ledermann, W. (2003). *Bacillus anthracis*: una larga historia de terror. *Revista chilena de infectología*, 20, 28-31.
- Lee, J. V., Shread, P., Furniss, A. L., & Bryant, T. N. (1981). Taxonomy and description of *Vibrio fluvialis* sp. nov. (synonym group F vibrios, group EF6). *Journal of Applied Bacteriology*, 50(1), 73-94.
- Lee, S. H., Oh, D. H., Ahn, W. S., Lee, Y., Choi, J. I., & Lee, S. Y. (2000). Production of poly (3-hydroxybutyrate-co-3-hydroxyhexanoate) by high cell density cultivation of *Aeromonas hydrophila*. *Biotechnology and bioengineering*, 67(2), 240-244.
- Lee, S. Y., Bollinger, J., Bezdicek, D. & Ogram, A. (1996). Estimation of the abundance of an uncultured soil bacterial strain by a competitive quantitative PCR method. *Applied and environmental Microbiology*, 62(10), 3787-3793.
- Lee, Y. J., Van Nostrand, J. D., Tu, Q., Lu, Z., Cheng, L., Yuan, T. & Yang, F. (2013). The PathoChip, a functional gene array for assessing pathogenic properties of diverse microbial communities. *The ISME journal*, 7(10), 1974-1984.

- Leffler, D. A., & Lamont, J. T. (2015). *Clostridium difficile* infection. *New England Journal of Medicine*, 372(16), 1539-1548.
- Lemes, G. A., Kersanach, R., Pinto, L. D. S., Dellagostin, O. A., Yunes, J. S., & Matthiensen, A. (2008). Biodegradation of microcystins by aquatic Burkholderia sp. from a South Brazilian coastal lagoon. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 69(3), 358-365.
- 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, H., Ruan, J., & Durbin, R. (2008). Mapping short DNA sequencing reads and calling variants using mapping quality scores. *Genome research*, 18(11), 1851-1858.
- Li, X., Wang, D., Li, B., Zhou, H., Liang, S., Ke, C., Cao, W. (2015). Characterization of environmental *Vibrio cholerae* serogroups O1 and O139 in the pearl river estuary, China. *Canadian Journal of Microbiology*, 62(2), 139-147. doi:10.1139/cjm-2015-0443
- Liesack, W., & Stackebrandt, E. (1992). Occurrence of novel groups of the domain Bacteria as revealed by analysis of genetic material isolated from an Australian terrestrial environment. *Journal of bacteriology*, 174(15), 5072-5078.
- Linares, R., Gavira, A., Coronel, A., & Hamad, S. (2017). Extension of the *Salmonella* detection method UNE-EN ISO 6579: 2003. Biosaiia: *Revista de los másteres de Biotecnología Sanitaria y Biotecnología Ambiental, Industrial y Alimentaria*, 1(6).
- Lindström, M., Heikinheimo, A., Lahti, P., & Korkeala, H. (2011). Novel insights into the epidemiology of *Clostridium perfringens* type A food poisoning. *Food microbiology*, 28(2), 192-198.
- Liu, X., Tiquia, S. M., Holguin, G., Wu, L., Nold, S. C., Devol, A. H., ... & Zhou, J. (2003). Molecular diversity of denitrifying genes in continental margin sediments within the oxygen deficient zone off the Pacific coast of Mexico. *Applied and Environmental Microbiology*, 69(6), 3549-3560.
- Liyanage, G. Y., & Manage, P. M. (2016). Isolation and characterisation of oil degrading bacteria from coastal waters and sediments from three locations in Sri Lanka. *Journal of the National Science Foundation of Sri Lanka*, 44(4).
- López, A (Sin fecha). *Brucella*. En E. Martínez., J. C. Martínez. (Ed), Microbios (Cap.7). Centro de investigación sobre fijación de nitrógeno, UNAM. México. <http://www.biblioweb.tic.unam.mx/libros/microbios/>
- López, C. G., Fernández, F. A., Sevilla, J. F., Fernández, J. S., García, M. C., & Grima, E. M. (2009b). Utilization of the cyanobacteria *Anabaena* sp. ATCC 33047 in CO2 removal processes. *Bioresource technology*, 100(23), 5904-5910.

- López, P.J., Salazar, S., Figueroa, Y., López, J., Fuentes, J. (2009a). Calidad bacteriológica y fisicoquímica de aguas y sedimentos de cuatro playas de las costas del estado Nueva Esparta. *CIENCIA* 17(4), 271 - 280.
- López, V., Suárez, M., Chico, I., Navas, J., & Martínez, J. (2006). *Listeria monocytogenes* en alimentos: ¿son todos los aislamientos igual de virulentos?. *Revista argentina de microbiología*, 38(4), 224-234.
- Lozano, A., Osorio, CR, Núñez, S., Martínez, J., y Magariños, B. (2003). Ocurrencia de *Photobacterium damsela subsp. damsela* en los moluscos bivalvos de Noroeste de España. *Toro. EUR. Assoc. Peces Pathol.* 23, 40-44.
- Macián, M. C., Arahál, D. R., Garay, E., Ludwig, W., Schleifer, K. H., & Pujalte, M. J. (2005). *Thalassobacter stenotrophicus* gen. nov., sp. nov., a novel marine α -proteobacterium isolated from Mediterranean sea water. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 55(1), 105-110.
- Mahenthiralingam, E., Baldwin, A., & Dowson, C. G. (2008). *Burkholderia cepacia* complex bacteria: opportunistic pathogens with important natural biology. *Journal of applied microbiology*, 104(6), 1539-1551.
- 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
- Maravić, A., Skočibušić, M., Šprung, M., Šamanić, I., Puizina, J., & Pavela-Vrančić, M. (2012). Occurrence and antibiotic susceptibility profiles of *Burkholderia cepacia* complex in coastal marine environment. *International journal of environmental health research*, 22(6), 531-542.
- Margulis, L., Barghoorn, E. S., Ashendorf, D., Banerjee, S., Chase, D., Francis, S., ... & Stolz, J. (1980). The microbial community in the layered sediments at Laguna Figueroa, Baja California, Mexico: Does it have Precambrian analogues?. *Precambrian Research*, 11(2), 93-123.
- Martinez, J., Saco, M., de Novoa, J., Perez, P., Peiteado, J., Lozano, A., & Garcia, O. (2004). Influence of environmental factors and human activity on the presence of *Salmonella* serovars in a marine environment. *Applied and Environmental Microbiology*, 70(4), 2089-2097. <http://doi.org/10.1128/AEM.70.4.2089-2097.2004>
- Matyar, F., Kaya, A., & Dinçer, S. (2008). Antibacterial agents and heavy metal resistance in Gram-negative bacteria isolated from seawater, shrimp and sediment in Iskenderun Bay, Turkey. *Science of the Total Environment*, 407(1), 279-285.

- Mauchline, W. S., James, B. W., Fitzgeorge, R. B., Dennis, P. J., & Keevil, C. W. (1994). Growth temperature reversibly modulates the virulence of *Legionella pneumophila*. *Infection and immunity*, 62(7), 2995-2997.
- Maurelli, A. T., Blackmon, B., & Curtiss, R. I. (1984). Temperature dependent expression of virulence genes in *Shigella species*. *Infection and Immunity*, 43(1), 195-201.
- McNally, A., Thomson, N. R., Reuter, S., & Wren, B. W. (2016). 'Add, stir and reduce': *Yersinia* spp. as model bacteria for pathogen evolution. *Nature Reviews Microbiology*, 14(3), 177-190.
- McQuaig, S., Griffith, J., & Harwood, V. J. (2012). Association of fecal indicator bacteria with human viruses and microbial source tracking markers at coastal beaches impacted by nonpoint source pollution. *Applied and environmental microbiology*, 78(18), 6423-6432.
- Melaine, F., & Tabrizian, M. (2016). Functionalized gold nanoparticles for surface plasmon resonance detection of *Legionella pneumophila* 16s rRNA. In sensors, *IEEE* (pp. 1-3).
- Melo, L. D., Sillankorva, S., Ackermann, H. W., Kropinski, A. M., Azeredo, J., & Cerca, N. (2014). Isolation and characterization of a new *Staphylococcus epidermidis* broad-spectrum bacteriophage. *Journal of General Virology*, 95(2), 506-515.
- Mendall, M. A., Goggin, P. M., Molineaux, N., Levy, J., Toosy, T., Strachan, D., ... & Northfield, T. C. (1994). Relation of *Helicobacter pylori* infection and coronary heart disease. *British heart journal*, 71(5), 437-439.
- Merck Sharp & Dohme Corp. (2016). Ehrlichiosis and Related Infections. Recuperado el 15 de 04 de 2017, de Merck manual:<http://www.merckvetmanual.com/generalized-conditions/rickettsial-diseases/ehrlichiosis-and-related-infections>
- Minot, S. S., Krumm, N., & Greenfield, N. B. (2015). One Codex: A sensitive and accurate data platform for genomic microbial identification. *bioRxiv*, 027607.
- Moellering, R. C. (1992). Emergence of *Enterococcus* as a significant pathogen. *Clinical infectious diseases*, 1173-1176.
- Mohammed, R. L., Echeverry, A., Stinson, C. M., Green, M., Bonilla, T. D., Hartz, A., ... & Esiobu, N. (2012). Survival trends of *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Clostridium perfringens* in a sandy South Florida beach. *Marine pollution bulletin*, 64(6), 1201-1209.
- Mohideen Askar Nawas, P., Ramasubburayan, R., & Palavesam, A. (2016). RAPD analysis of dominant denitrifying bacterial species in the estuarine environment of south west coast of India. *Indian Journal of Geo-Marine Sciences*, 45(12), 1696-1703.

- Molla, B., Yilma, R., & Alemayehu, D. (2017). *Listeria monocytogenes* and other *Listeria species* in retail meat and milk products in Addis Ababa, Ethiopia. *The Ethiopian Journal of Health Development (EJHD)*, 18(3).
- Monsalve, S., Miranda, J., & Mattar, S. (2011). First evidence of *Chlamydophila psittaci* circulation in Colombia: a possible public health risk. *Revista de Salud Pública*, 13(2), 314-326.
- Montiel, F., & Guzmán, A. M. (1997). Laboratorio de Microbiología Clínica. Recuperado el 13 de 11 de 2015, de Universidad Católica de Chile: <http://escuela.med.puc.cl/publ/boletin/laboratorio/LaboratorioMicro.html>
- Moore, L. S., Owens, D. S., Jepson, A., Turton, J. F., Ashworth, S., Donaldson, H., & Holmes, A. H. (2016). Waterborne *Elizabethkingia meningoseptica* in adult critical care. *Emerging infectious diseases*, 22(1), 9.
- Morales, M., Castillo, G., López, Y., & Cravioto, A. (Sin fecha). *Helicobacter pylori*. En E. Martínez., J. C. Martínez. (Ed), *Microbios (Cap.11)*. Centro de investigación sobre fijación de nitrógeno, UNAM. México. <http://www.biblioweb.tic.unam.mx/libros/microbios/>
- Morales, S. (2007). Diagnóstico de la zona marino costera del Estado de Yucatán basado en la caracterización hidrológica y del fitoplancton. (Tesis de maestría). Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Mérida-Yucatán.
- Moreno, C. E. (2001). Métodos para medir la biodiversidad. M&T Manuales y Tesis SEA, vol. 1. Zaragoza, 84 pp.
- Moreno, L., González, D., Cecena, C., & Grimaldo, O. (2015). Molecular identification of phosphate solubilizing native bacteria isolated from the rhizosphere of *Prosopis glandulosa* in Mexicali valley. *Genetics and Molecular Research*, 14(1), 2793-2798.
- Morozova, O., Hirst, M., & Marra, M. A. (2009). Applications of new sequencing technologies for transcriptome analysis doi:10.1146/annurev-genom-082908-145957
- Morozova, T. V., Orlova, T. Y., Efimova, K. V., Lazaryuk, A. Y., & Burov, B. A. (2016). *Scripsiella 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
- Morris, A. L., Guégan, J. F., Andreou, D., Marsollier, L., Carolan, K., Le Croller, M., ... & Gozlan, R. E. (2016). Deforestation driven food web collapse linked to emerging tropical infectious disease, *Mycobacterium ulcerans*. *Science Advances*, 2(12), e1600387.
- Morris, J. G., Wilson, R., Hollis, D. G., Weaver, R. E., Miller, H. G., Tacket, C. O., et al. (1982). Illness caused by *Vibrio damsela* and *Vibrio hollisae*. *Lancet* 319, 1294-1297. doi: 10.1016/S0140-6736(82)92853-7

- 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
- Mudryk, Z., Gackowska, J., Skórczewski, P., Perliński, P., & Zdanowicz, M. (2014). Occurrence of potentially human pathogenic bacteria in the seawater and in the sand of the recreational coastal beach in the southern Baltic Sea. *Oceanological and Hydrobiological Studies*, 43(4), 366-373.
- Mukherjee, P., Roychowdhury, R., & Roy, M. (2017). Phytoremediation potential of rhizobacterial isolates from kans grass (*saccharum spontaneum*) of fly ash ponds. *Clean Technologies and Environmental Policy*, 1-13. doi:10.1007/s10098-017-1336-y
- Muñoz, P., Bouza, E., Cuenca-Estrella, M., Eiros, J. M., Pérez, M. J., Sánchez-Somolinos, M., ... & Peláez, T. (2005). *Saccharomyces cerevisiae* fungemia: an emerging infectious disease. *Clinical Infectious Diseases*, 40(11), 1625-1634.
- Murray, B. E. (1990). The life and times of the *Enterococcus*. *Clinical microbiology reviews*, 3(1), 46-65.
- Nacke, H., Will, C., Herzog, S., Nowka, B., Engelhaupt, M., & Daniel, R. (2011). Identification of novel lipolytic genes and gene families by screening of metagenomic libraries derived from soil samples of the German Biodiversity Exploratories. *FEMS microbiology ecology*, 78(1), 188-201.
- Narracci, M., Acquaviva, M. I., & Cavallo, R. A. (2014). Mar piccolo of taranto: *Vibrio* biodiversity in ecotoxicology approach. *Environmental Science and Pollution Research*, 21(3), 2378-2385. doi:10.1007/s11356-013-2049-3
- Nascimento, D. L., Barros, C. N., Silva, A. D. R., Guimarães, J. M., Pedrosa, V. F., & Mendes, E. S. (2014). Potentially pathogenic bacteria isolated from beijupirá (*rachycentron canadum*) offshore system cultured. [Bactérias potencialmente patogênicas isoladas de beijupirá (*Rachycentron canadum*) cultivadas em sistema offshore]. *Medicina Veterinaria (Brazil)*, 8(2), 12-21
- NMNH. (2007). Dinoflagellates, Identifying Harmful Marine. Tomado el 11 de 9 de 2016, de Botany Department, Smithsonian Institution: <http://botany.si.edu/references/dinoflag/Taxa/Pconconvum.htm>
- Noble, R. T., Moore, D. F., Leecaster, M. K., McGee, C. D., & Weisberg, S. B. (2003). Comparison of total coliform, fecal coliform, and *Enterococcus* bacterial indicator response for ocean recreational water quality testing. *Water research*, 37(7), 1637-1643.
- Nogales, B., Lanfranconi, M. P., Piña-Villalonga, J. M., & Bosch, R. (2011). Anthropogenic perturbations in marine microbial communities. *FEMS Microbiology Reviews*, 35(2), 275-298.

- Norma Oficial Mexicana. (2006). Norma Mexicana NMX – 120 – SCFI – 2006. Que establece los Requisitos y Especificaciones de Sustentabilidad de la Calidad de Playas. 6 de julio de 2006.
- Oberbeckmann, S., Fuchs, B. M., Meiners, M., Wichels, A., Wiltshire, K. H., & Gerdts, G. (2012). Seasonal dynamics and modeling of a *Vibrio* community in coastal waters of the North Sea. *Microbial ecology*, 63(3), 543-551
- Observatorio Medioambiental (2002). Revistas Científicas Complutenses. Recuperado el 12 de 11 de 2015, de <http://revistas.ucm.es/index.php/OBMD/article/view/22909>
- OECD. (2016). OECD review of health systems: Mexico 2016. Paris: OECD Publishing. <http://www.oecd.org/publications/oecd-reviews-of-health-systems-mexico-2016-9789264230491-en.htm>
- OIE. (2008). *Campylobacter jejuni* y *Campylobacter coli*, Manual de la OIE sobre animales terrestres. Capítulo, 2.9.3, 1-8.
- Olivas-Enriquez, E., Flores-Margez, J. P., Serrano-Alamillo, M., Soto-Mejía, E., Iglesias-Olivas, J. M., Salazar-Sosa, E., & Fortis-Hernández, M. (2011). Indicadores fecales y patógenos en agua descargada al río bravo. *Terra latinoamericana*, 29(4), 449-457.
- Olson, J. B., Harmody, D. K., Bej, A. K., & McCarthy, P. J. (2007). *Tsukamurella spongiae* sp. nov., a novel actinomycete isolated from a deep water marine sponge. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 57(7), 1478-1481.
- OMS. (2002a). Organización Mundial de la Salud. Recuperado el 02 de 05 de 2016, de OMS: <http://www.who.int/whr/2002/en/Chapter2S.pdf?ua=1>
- OMS. (2002b). Guidelines for drinking-water quality. Recuperado el 7 de 11 de 2016, de Organización Mundial de la Salud: www.who.int/water_sanitation_health/dwq/admicrob2.pdf
- OMS. (Sin fecha.a). Organización Mundial de la Salud. Recuperado el 8 de 10 de 2015, de <http://www.who.int/suggestions/faq/es/>
- OMS. (Sin fecha.b). Organización Mundial de la Salud. Recuperado el 9 de 11 de 2015, de http://www.who.int/water_sanitation_health/dwq/gdwq3_es_11.pdf
- OMS. (Sin fecha.c). Organización Mundial de la Salud. Recuperado el 11 de 11 de 2015, de http://www.who.int/water_sanitation_health/dwq/gdwq3_es_7_fig.pdf
- On, S. L., & Jordan, P. J. (2003). Evaluation of 11 PCR assays for species level identification of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli*. *Journal of clinical microbiology*, 41(1), 330-336.

- Onuk, E. E., Findik, A., Turk, N., Altun, S., Korun, J., Ozer, S., . & Ciftci, A. (2013). Molecular identification and determination of some virulence genes of *Aeromonas* spp. in fish and water from Turkish coastal regions. *Rev. Méd. Vét*, 164(4), 200-206.
- OPS. (2002). *La Salud Pública en las Américas* (Vol. 589). Washington, D.C.
- OPS. (Sin fecha.a). Biblioteca virtual de desarrollo sostenible y salud ambiental. Organización Panamericana de la Salud. Recuperado el 20 de 4 de 2017, de http://www.bvsde.paho.org/CD-GDWQ/docs_microbiologicos/Bacterias%20PDF/Aeromonas.pdf
- OPS. (Sin fecha.b). Biblioteca virtual de desarrollo sostenible y salud ambiental. Organización Panamericana de la Salud. Recuperado el 1 de 5 de 2017, de http://www.bvsde.paho.org/CD-GDWQ/docs_microbiologicos/Bacterias%20PDF/Salmonella.pdf
- OPS. (Sin fecha.c). Biblioteca virtual de desarrollo sostenible y salud ambiental. Organización Panamericana de la Salud. Recuperado el 4 de 5 de 2017, de http://www.bvsde.paho.org/CD-GDWQ/docs_microbiologicos/Indicadores%20PDF/bacterias%20coliformes.pdf
- OPS. (Sin fecha.d). Biblioteca virtual de desarrollo sostenible y salud ambiental. Organización Panamericana de la Salud. Recuperado el 4 de 5 de 2017, de <http://www.bvsde.paho.org/bvsacd/aidis-ar/lcl1799e.pdf>
- 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.
- Ou, K., Ong, C., Koh, S. Y., Rodrigues, F., Sim, S. H., Wong, D., . & Soon, S. Y. (2005). Integrative genomic, transcriptional, and proteomic diversity in natural isolates of the human pathogen *Burkholderia pseudomallei*. *Journal of bacteriology*, 187(12), 4276-4285.
- Ouellette, A. J., Handy, S. M., & Wilhelm, S. W. (2006). Toxic *Microcystis* is widespread in Lake Erie: PCR detection of toxin genes and molecular characterization of associated cyanobacterial communities. *Microbial ecology*, 51(2), 154-165.
- Pabba, S. K., Samatha, B., Prasad, M. R., Nidadavolu, S. H., & Charya, M. S. (2017). Isolation and screening of marine bacteria for antimicrobial activity along Vishakapatnam Coast. *Journal of Microbiology and Biotechnology Research*, 1(2), 86-89.
- Panaiotov, S., Simeonovski, I., Levterova, V., Karamfilov, V., Brankova, N., Tankova, K., ... & D'Ugo, E. (2015). Two year monitoring of water samples from dam of iskar and the

black sea, bulgaria, by molecular analysis: Focus on *Mycobacterium* spp. *International journal of environmental research and public health*, 12(7), 7430-7443.

Pantophlet, R., Severin, J. A., Nemeč, A., Brade, L., Dijkshoorn, L., & Brade, H. (2002). Identification of *Acinetobacter* isolates from species belonging to the *Acinetobacter calcoaceticus-Acinetobacter baumannii* complex with monoclonal antibodies specific for O Antigens of their lipopolysaccharides. *Clinical and diagnostic laboratory immunology*, 9(1), 60-65.

Parker, D. L., Rai, L. C., Mallick, N., Rai, P. K., & Kumar, H. D. (1998). Effects of cellular metabolism and viability on metal ion accumulation by cultured biomass from a bloom of the cyanobacterium *Microcystis aeruginosa*. *Applied and environmental microbiology*, 64(4), 1545-1547.

Parker, J. L., & Shaw, J. G. (2011). *Aeromonas* spp. clinical microbiology and disease. *Journal of Infection*, 62(2), 109-118.

Parra, M., Durango, J., & Máttar, S. (2002). Microbiología, patogénesis, epidemiología, clínica y diagnóstico de las infecciones producidas por *Salmonella*. *Revista MVZ Córdoba*, 7(2), 187-200.

Parvathi, A., Krishna, K., Jose, J., Joseph, N., & Nair, S. (2009). Biochemical and molecular characterization of *Bacillus pumilus* isolated from coastal environment in Cochin, India. *Brazilian Journal of Microbiology*, 40(2), 269-275.

Pasechnik, A., Sergeeva, T., & Fuki, A. (1981). Role of the soil reservoir of *Clostridium tetani* in the endemic status of tetanus in the Krasnodar region. *Gigiena i Sanitariya*, (6).

Pasumarthi, R., Chandrasekaran, S., & Mutnuri, S. (2013). Biodegradation of crude oil by *Pseudomonas aeruginosa* and *Escherichia fergusonii* isolated from the Goan coast. *Marine pollution bulletin*, 76(1), 276-282.

Paszko-Kolva, C., Shahamat, M., & Colwell, R. R. (1992). Long term survival of *Legionella pneumophila* serogroup 1 under low nutrient conditions and associated morphological changes. *FEMS microbiology ecology*, 11(1), 45-55.

Paul F. M. B., Perry D. F., Monsan P. F. (1995). Nouvelle souche de *Klebsiella pneumoniae*, subsp. *pneumoniae* et procédé de production d'un polysaccharide contenant L-fucose. *Demande de brevet en France* No. 95 00898.

Paul, J. H., Alfreider, A., & Wawrik, B. (2000). Micro and macrodiversity in rbcL sequences in ambient phytoplankton populations from the southeastern Gulf of Mexico. *Marine Ecology Progress Series*, 198, 9-18.

Payne, G. W., Vandamme, P., Morgan, S. H., LiPuma, J. J., Coenye, T., Weightman, A. J., . & Mahenthiralingam, E. (2005). Development of a recA gene based identification approach for the entire *Burkholderia* genus. *Applied and environmental microbiology*, 71(7), 3917-3927.

- Pel, H. J., de Winde, J. H., Archer, D. B., Dyer, P. S., Hofmann, G., Schaap, P. J., ... & Andersen, M. R. (2007). Genome sequencing and analysis of the versatile cell factory *Aspergillus niger* CBS 513.88. *Nature biotechnology*, 25(2), 221-231.
- Peñaloza, R., Salamanca, N., Rodriguez, J.M., Rodriguez, J., & Beltran, R. (2014). Estimación de la carga de enfermedad para Colombia, 2010. Primera edición. Bogotá: Editorial Pontificia Universidad Javeriana.
- Pepi, M., Cesàro, A., Liut, G., & Baldi, F. (2005). An antarctic psychrotrophic bacterium *Halomonas* sp. ANT-3b, growing on n-hexadecane, produces a new emulsifying glycolipid. *FEMS Microbiology Ecology*, 53(1), 157-166.
- Pepi, M., Gaggi, C., Bernardini, E., Focardi, S., Lobianco, A., Ruta, M., . & Renzi, P. (2011). Mercury resistant bacterial strains *Pseudomonas* and *Psychrobacter* spp. isolated from sediments of Orbetello Lagoon (Italy) and their possible use in bioremediation processes. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 65(1), 85-91.
- Pereira, C. S., Amorim, S. D., Santos, A. F., Siciliano, S., Moreno, I. B., Ott, P. H., & Rodrigues, D. (2008). *Plesiomonas shigelloides* and *Aeromonadaceae* family pathogens isolated from marine mammals of Southern and Southeastern Brazilian coast. *Brazilian Journal of Microbiology*, 39(4), 749-755.
- Pérez, R. M., Abalos, A., Gómez, J. M., & Cantero, D. (2007). Biosorption of heavy metals by *Pseudomonas aeruginosa* isolated from a petroleum contaminated site doi:10.4028/www.scientific.net/AMR.20-21.615
- Petrosino, J. F., Highlander, S., Luna, R. A., Gibbs, R. A., & Versalovic, J. (2009). Metagenomic pyrosequencing and microbial identification. *Clinical Chemistry*, 55(5), 856-866. doi:10.1373/clinchem.2008.107565
- Philippe, H., Adnan, A., Samir, A., & Fatma, E. (2016). Antimicrobial resistance of *Staphylococcus aureus*, *Streptococci fecal*, *Enterobacteriaceae* and *Pseudomonas aeruginosa* isolated from the coastal water of the Gaza strip-Palestine. *The International Arabic Journal of Antimicrobial Agents*, 6(3).
- Piccini, C., Conde, D., Alonso, C., Sommaruga, R., & Pernthaler, J. (2006). Blooms of single bacterial species in a coastal lagoon of the southwestern Atlantic Ocean. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(10), 6560-6568.
- Pines, O., & Gutnick, D. (1984). Alternate hydrophobic sites on the cell surface of *Acinetobacter calcoaceticus* RAG-1. *FEMS microbiology letters*, 22(3), 307-311.
- Podschun, R., Pietsch, S., Höller, C., & Ullmann, U. (2001). Incidence of *Klebsiella* species in surface waters and their expression of virulence factors. *Applied and environmental microbiology*, 67(7), 3325-3327.

- Poharkar, K., Doijad, S., Kerkar, S., & Barbuddhe, S. (2017). Pathogenic Bacteria of Public Health Significance in Estuarine Mangrove Ecosystem. In *Marine Pollution and Microbial Remediation* (pp. 239-253). Springer Singapore.
- Poharkar, K., Kerkar, S., D'Costa, D., Doijad, S., & Barbuddhe, S. B. (2016). Mangrove Ecosystems: An Adopted Habitat for Pathogenic *Salmonella* spp. *Water Environment Research*, 88(3), 264-271.
- Póntigo, F., Silva, C., Moraga, M., & Flores Carrasco, S. (2015). *Streptococcus massiliensis* in the human mouth: a phylogenetic approach for the inference of bacterial habitats. *Genet. Mol. Res.* 14 (4): 19184-19190. DOI: 10.4238/2015.December.29.28
- Pouria, S., de Andrade, A., Barbosa, J., Cavalcanti, R. L., Barreto, V. T. S., Ward, C. J., ... & Codd, G. A. (1998). Fatal microcystin intoxication in haemodialysis unit in Caruaru, Brazil. *The Lancet*, 352(9121), 21-26.
- Preado, V. (2001). Conceptos microbiológicos de *Streptococcus pneumoniae*: Basic microbiological aspects. *Revista chilena de infectología*, 18(Supl. 1), 6-9. <https://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182001000000002>
- 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>.
- Pucci, G. N. (2009). Diversidad de bacterias cultivables de la costa de caleta olivia, Patagonia, Argentina. *Acta Biológica Colombiana*, 14(3), 121.
- Puskas, A., Greenberg, E. P., Kaplan, S. A. M. U. E. L., & Schaefer, A. L. (1997). A quorum-sensing system in the free-living photosynthetic bacterium *Rhodobacter sphaeroides*. *Journal of bacteriology*, 179(23), 7530-7537.
- Radwan, S. S., Al-Hasan, R. H., Al-Awadhi, H., Salamah, S., & Abdullah, H. M. (1999). Higher oil biodegradation potential at the Arabian Gulf coast than in the water body. *Marine Biology*, 135(4), 741-745.
- Rahman, M. A., Azuma, Y., Fukunaga, H., Murakami, T., Sugi, K., Fukushi, H., . & Shirai, M. (2005). Serotonin and melatonin, neurohormones for homeostasis, as novel inhibitors of infections by the intracellular parasite *Chlamydia*. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 56(5), 861-868.
- Rajal, V. B., Cruz, C., & Last, J. A. (2010). Water quality issues and infant diarrhoea in a South American province. *Global public health*, 5(4), 348-363.
- Ramos, R., Cerdà-Cuéllar, M., Ramírez, F., Jover, L., & Ruiz, X. (2010). Influence of refuse sites on the prevalence of *Campylobacter* spp. and *Salmonella* serovars in seagulls. *Applied and environmental microbiology*, 76(9), 3052-3056.

- Ramos, V., Duarte, C., Díaz, A., & Moreno, J. (2014). Elementos genéticos móviles asociados con resistencia a eritromicina en aislamientos de *Streptococcus pneumoniae* en Colombia. *Biomédica*, 34(Sup1), 209-16.
- Reardon, M. E., Osipiuk, J., Jooya, N., Chang, C., Joachimiak, A., Das, A., & Ton-That, H. (2015). A thiol-disulfide oxidoreductase of the Gram-positive pathogen *Corynebacterium diphtheriae* is essential for viability, pilus assembly, toxin production and virulence. *Molecular microbiology*, 98(6), 1037-1050.
- Reddington, K., Schwenk, S., Tuite, N., Platt, G., Davar, D., Coughlan, H., ... & Barry, T. (2015). Comparison of established diagnostic methodologies and a novel bacterial smpb real-time PCR assay for specific detection of *Haemophilus influenzae* Isolates Associated with Respiratory Tract Infections. *Journal of clinical microbiology*, 53(9), 2854-2860.
- Revollo, E. L., Serna, O. D., & Hernández, J. (2012). Characterization of lignocellulose degrading rare actinobacteria: demonstration of laccase activity in two isolates of *Tsukamurella* sp and *Cellulosimicrobium* sp. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 14(2), 70-80.
- Reyes, C., Castañeda, M. D. R., Landeros, C., Galaviz, I., Lango, F., Minguez, M. M., & Nikolskii, I. (2017). Pathogenic vibrios in the oyster *Crassostrea virginica* in the lagoon system of Mandinga, Veracruz, Mexico. *Hidrobiologica*, 20(3), 238-245.
- Richards, V. P., Palmer, S. R., Bitar, P. D. P., Qin, X., Weinstock, G. M., Highlander, S. K., & Stanhope, M. J. (2014). Phylogenomics and the dynamic genome evolution of the genus *Streptococcus*. *Genome biology and evolution*, 6(4), 741-753.
- Riediger, I. N., Hoffmaster, A. R., Casanovas-Massana, A., Biondo, A. W., Ko, A. I., & Stoddard, R. A. (2016). An Optimized Method for Quantification of Pathogenic *Leptospira* in Environmental Water Samples. *PLoS one*, 11(8), e0160523.
- Rinta, J. M., Konopko, E. A., DeBruyn, J. M., Bourbonniere, R. A., Boyer, G. L., & Wilhelm, S. W. (2009). Lake Erie Microcystis: relationship between microcystin production, dynamics of genotypes and environmental parameters in a large lake. *Harmful Algae*, 8(5), 665-673.
- Rivas, A. J., Lemos, M. L., & Osorio, C. R. (2013). *Photobacterium damsela* subsp. *damsela*, a bacterium pathogenic for marine animals and humans. *Frontiers in microbiology*, 4, 283.
- Rivera, E., Azuz, I., Alpuche, L., & Villalobos, G. J. (2010). Cambio climático en México: un enfoque costero y marino. Red sobre Manejo Integrado de la Zona Costera: Universidad A. de Campeche y Gobierno del Estado de Campeche, 940.
- Robert, A., Danin, P. É., Quintard, H., Degand, N., Martis, N., Doyen, D., . & Dellamonica, J. (2017). Seawater drowning associated pneumonia: a 10-year descriptive cohort in intensive care unit. *Annals of Intensive Care*, 7(1), 45.

- Robert, V., Stegehuis, G., & Stalpers, J. (2005). The MycoBank engine and related databases. <http://www.mycobank.org>
- Rodas, O. R., Flores, J. F., Betancourt, J. M., Quiñones, E. I., & Vázquez, C. (2006). Occurrence and antibiotic sensitivity of *Listeria monocytogenes* strains isolated from oysters, fish, and estuarine water. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(11), 7410-7412.
- Rodrigues, V., Ramaiah, N., Kakti, S., Samant, D. (2011). Long term variations in abundance and distribution of sewage pollution indicator and human pathogenic bacteria along the central west coast of India. *Ecol Indic* 11:318–327
- Rodríguez, B., Iraola, M., Molina, F., & Pereira, E. (2006). Infección hospitalaria en la Unidad de Cuidados Intensivos Polivalente de un hospital universitario cubano. *Revista Cubana de Investigaciones Biomédicas*, 25(3), 0-0.
- Rodríguez, J. C., Cebrián, L., Royo, G., & Elche, H. (2003). *Mycobacterium kansasii*: epidemiología, diagnóstico y tratamiento. Boletín de Control de Calidad SEIMC, 15(1), 47-50.
- Rodríguez, R., Aguilar, C. N., Ayala, L. A., Rocha, J. C., Padilla, V., & Espinosa, T. C. (2009). Detección de microorganismos mediante métodos moleculares. *Acta Química Mexicana*, 1(1).
- Rojas, R., Narváez, J., Zamudio, M., Mena, M.E (2008). A Simple Silica-based Method for Metagenomic DNA Extraction from Soil and Sediments. *Molecular Biotechnology*, 40 (1), 13-17.
- Romero, I. C., Jacobson-Meyers, M. E., Fuhrman, J. A., & Capone, D. G. (2015). Phylogenetic Diversity of Diazotrophs along an Experimental Nutrient Gradient in Mangrove Sediments. *Journal of Marine Science and Engineering*, 3(3), 699-719.
- Rowensztein, H., Demirdjian, G., & Rodríguez, J. (2007). Carga de enfermedad y costos asociados a las internaciones por infección respiratoria aguda en niños. *Archivos argentinos de pediatría*, 105(1), 5-11.
- Ruangpan, L., & Kitao, T. (1991). *Vibrio* bacteria isolated from black tiger shrimp, *Penaeus monodon* Fabricius. *Journal of Fish diseases*, 14(3), 383-388.
- Ruttanasutja, P., & Pathom, W. (2015). Selective isolation of cultivable actinomycetes from thai coastal marine sediment. *Chiang Mai J. Sci.* 2015; 42(1): 88-103 <http://epg.science.cmu.ac.th/ejournal/Contributed Paper>
- Šabic, M., Cizmek, L., Domanovac, M. V., & Meštrovic, E. (2015). Biodegradation of erythromycin with environmental microorganism *Pseudomonas aeruginosa* 3011. *Chemical and Biochemical Engineering Quarterly*, 29(3), 367-373. doi:10.15255/CABEQ.2015.2171

- Said, O. B., Goñi-Urriza, M., El Bour, M., Aissa, P., & Duran, R. (2010). Bacterial community structure of sediments of the Bizerte lagoon (Tunisia), a southern Mediterranean coastal anthropized lagoon. *Microbial ecology*, 59(3), 445-456.
- Salkin, I. F., Martinez, J. A., & Kemna, M. E. (1986). Opportunistic infection of the spleen caused by *Aureobasidium pullulans*. *Journal of clinical microbiology*, 23(5), 828-831.
- Salloto, G. R., Cardoso, A. M., Coutinho, F. H., Pinto, L. H., Vieira, R. P., Chaia, C., ... & Clementino, M. M. (2012). Pollution impacts on bacterioplankton diversity in a tropical urban coastal lagoon system. *PloS one*, 7(11), e51175
- Sambrook, J., Russell, D. W. (2006). Purification of Nucleic Acids by Extraction with Phenol:Chloroform. Cold Spring Harb Protocols, 2006:pii=pdb.prot4455. 10.1101/pdb.prot4455.
- Santos, S. S., Pardal, S., Proença, D. N., Lopes, R. J., Ramos, J. A., Mendes, L., & Morais, P. V. (2012). Diversity of cloacal microbial community in migratory shorebirds that use the Tagus estuary as stopover habitat and their potential to harbor and disperse pathogenic microorganisms. *FEMS microbiology ecology*, 82(1), 63-74.
- Sater, M. R. A., Lamelas, A., Wang, G., Clark, T. A., Röltgen, K., Mane, S., ... & Schmid, C. D. (2015). DNA methylation assessed by SMRT sequencing is linked to mutations in *Neisseria meningitidis* isolates. *PloS one*, 10(12), e0144612.
- Schmidt, S., Blom, J. F., Pernthaler, J., Berg, G., Baldwin, A., Mahenthiralingam, E., & Eberl, L. (2009). Production of the antifungal compound pyrrolnitrin is quorum sensing-regulated in members of the *Burkholderia cepacia* complex. *Environmental microbiology*, 11(6), 1422-1437.
- Schmieder, R., & Edwards, R. (2011). Quality control and preprocessing of metagenomic datasets. *Bioinformatics*, 27:863-864. [PMID: 21278185]
- 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]
- Schmitter-Soto, J. J., Comín, F. A., Escobar-Briones, E., Herrera-Silveira, J., Alcocer, J., Suárez-Morales, E., ... & Steinich, B. (2002). Hydrogeochemical and biological characteristics of cenotes in the Yucatán Peninsula (SE Mexico). *Hydrobiologia*, 467(1-3), 215-228.
- Schuch, R., & Fischetti, V. A. (2009). The secret life of the anthrax agent *Bacillus anthracis*: bacteriophage-mediated ecological adaptations. *PloS one*, 4(8), e6532.
- Secretaría de Salud (2007). Programa Nacional de Salud 2007-2012. Por un México sano: construyendo alianzas para una mejor salud. Primera edición. México, DF: Secretaría de Salud. http://dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5028687&fecha=17/01/2008

- Serracca, L., Ercolini, C., Rossini, I., Battistini, R., Giorgi, I., & Prearo, M. (2011). Occurrence of both subspecies of *Photobacterium damselae* in mullets collected in the river Magra (Italy). *Canadian journal of microbiology*, 57(5), 437-440.
- Shabbir, M. Z., Akram, S., ul Hassan, Z., Hanif, K., Rabbani, M., Muhammad, J., ... & Jamil, T. (2016). Evidence of *Coxiella burnetii* in Punjab province, Pakistan. *Acta tropica*, 163, 61-69.
- Shaheen, A., Baig, H. S., & Kazmi, S. U. (2016). Microbial flora isolated from polluted and non-polluted coastal waters of Karachi. *Pak. J. Bot*, 48(4), 1703-1708.
- Shameer, S. (2016). Biosorption of lead, copper and cadmium using the extracellular polysaccharides (EPS) of *Bacillus* sp., from solar salterns. *3 Biotech*, 6(2) doi:10.1007/s13205-016-0498-3
- Shandera, W. X., Johnston, J. M., Davis, B. R., & Blake, P. A. (1983). Disease from Infection with *Vibrio mimicus*, A Newly Recognized *Vibrio* Species Clinical Characteristics and Epidemiology. *Annals of internal medicine*, 99(2), 169-171.
- Shiri, Z., Kermanshahi, R. K., Soudi, M. R., & Farajzadeh, D. (2015). Isolation and characterization of an n-hexadecane degrading *Acinetobacter baumannii* KSS1060 from a petrochemical wastewater treatment plant. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 12(2), 455-464.
- Shokralla, S., Spall, J. L., Gibson, J. F., & Hajibabaei, M. (2012). Next-generation sequencing technologies for environmental DNA research. *Molecular ecology*, 21(8), 1794-1805.
- Shubhra, T., Jadhav, S. K., & Tiwari, K. L. (2016). Effect of physical parameters on production of bioethanol by *Bacillus cereus* strain McR 3. *Research Journal of Chemistry and Environment*, 20(11), 15-20.
- Silo-Suh, L. A., Lethbridge, B. J., Raffel, S. J., He, H., Clardy, J., & Handelsman, J. (1994). Biological activities of two fungistatic antibiotics produced by *Bacillus cereus* UW85. *Applied and environmental microbiology*, 60(6), 2023-2030.
- Silva, P. C., Basson, P. W., & Moe, R. L. (1996). Catalogue of the benthic marine algae of the Indian Ocean (Vol. 79). Univ of California Press.
- Simidu, U., Taga, N., Colwell, R. R., & Schwarz, J. R. (1980). Heterotrophic bacterial flora of the seawater from the Nansei Shoto (Ryukyu Retto) area. *Bull Jpn Soc Sci Fish*, 46, 505-510.
- Singh, A., Vaidya, B., Khatri, I., Srinivas, T. N. R., Subramanian, S., Korpole, S., & Pinnaka, A. K. (2014). *Grimontia indica* AK16 T, sp. nov., Isolated from a Seawater Sample Reports the Presence of Pathogenic Genes Similar to *Vibrio* Genus. *PloS one*, 9(1), e85590.

- Singh, B., Kaur, J., & Singh, K. (2013). Bioremediation of malathion in soil by mixed *Bacillus* culture. *Advances in Bioscience and Biotechnology*. Vol.4 No.5(2013), Article ID:32283,5 pages. DOI:10.4236/abb.2013.45088
- Sinton, L., Hall, C., & Braithwaite, R. (2007). Sunlight inactivation of *Campylobacter jejuni* and *Salmonella enterica*, compared with *Escherichia coli*, in seawater and river water. *Journal of water and health*, 5(3), 357-365.
- Sivonen, K., Kononen, K., Carmichael, W. W., Dahlem, A. M., Rinehart, K. L., Kiviranta, J., & Niemela, S. I. (1989). Occurrence of the hepatotoxic cyanobacterium *Nodularia spumigena* in the Baltic Sea and structure of the toxin. *Applied and Environmental microbiology*, 55(8), 1990-1995.
- Sliman, R., Rehm, S., & Shlaes, D. M. (1987). Serious infections caused by *Bacillus* species. *Medicine*, 66(3), 218-223.
- Smith, L. D. (1978). The occurrence of *Clostridium botulinum* and *Clostridium tetani* in the soil of the United States. *Health laboratory science*, 15(2), 74-80.
- Soberón, G. (2010). *Pseudomonas aeruginosa*, Microbios. Retrieved 11 8, 2016, from Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México: <http://www.biblioweb.tic.unam.mx/libros/microbios/Cap3/>
- Soman, R., Agrawal, U., Suthar, M., Desai, K., & Shetty, A. (2016). Successful Management of *Elizabethkingia meningoseptica* Meningitis with Intraventricular Vancomycin. *Journal of The Association of Physicians of India*, 64.
- Sørhaug, T., & Stepaniak, L. (1997). Psychrotrophs and their enzymes in milk and dairy products: quality aspects. *Trends in Food Science & Technology*, 8(2), 35-41.
- Souza, G. C., de Mattos, O. F., & Severo, L. C. (2012). *Saccharomyces cerevisiae* infections. *Revista iberoamericana de micología*, 30(3), 205-208.
- Staley, C., Gordon, K. V., Schoen, M. E., & Harwood, V. J. (2012). Performance of two quantitative PCR methods for microbial source tracking of human sewage and implications for microbial risk assessment in recreational waters. *Applied and environmental microbiology*, 78(20), 7317-7326.
- Stalin, N., & Srinivasan, P. (2016). Molecular characterization of antibiotic resistant *Vibrio harveyi* isolated from shrimp aquaculture environment in the south east coast of India. *Microbial Pathogenesis*, 97, 110-118. doi:10.1016/j.micpath.2016.05.021
- Stamper, M. A., Gulland, F. M., & Spraker, T. (1998). Leptospirosis in rehabilitated Pacific harbor seals from California. *Journal of Wildlife Diseases*, 34(2), 407-410.
- Steele, C. M., Brown, R. N., & Botzler, R. G. (2005). Prevalences of zoonotic bacteria among seabirds in rehabilitation centers along the Pacific Coast of California and Washington, USA. *Journal of Wildlife Diseases*, 41(4), 735-744.

- Stevens, D. A. (1990). *Coccidioides immitis*. Churchill Livingstone Inc..New York. USA, (Ed. 3), 2008-2017.
- Stevens, M. R., Luo, T. L., Vornhagen, J., Jakubovics, N. S., Gilsdorf, J. R., Marrs, C. F., ... & Rickard, A. H. (2015). Coaggregation occurs between microorganisms isolated from different environments. *FEMS microbiology ecology*, 91(11), fiv123.
- Stewart, J. R., Gast, R. J., Fujioka, R. S., Solo-Gabriele, H. M., Meschke, J. S., Amaral-Zettler, L. A., ... & Sinigalliano, C. D. (2008). The coastal environment and human health: microbial indicators, pathogens, sentinels and reservoirs. *Environmental Health*, 7(2), S3.
- Sugita, H., Okamoto, N., Nakamura, T., Aono, E., & Deguchi, Y. (1993). Characterization of microaerophilic bacteria isolated from the coastal waters of Tokyo Bay, Japan. *FEMS microbiology ecology*, 13(1), 37-45.
- Swanson, M. S., & Hammer, B. K. (2000). *Legionella pneumophila* pathogenesis: a fateful journey from amoebae to macrophages. *Annual Reviews in Microbiology*, 54(1), 567-613.
- Takamura, N., Iwakuma, T., & Yasuno, M. (1987). Uptake of ¹³C and ¹⁵N (ammonium, nitrate and urea) by *Microcystis* in Lake Kasumigaura. *Journal of Plankton Research*, 9(1), 151-165.
- Tallur, P. N., Sajjan, D. B., Mulla, S. I., Talwar, M. P., Pragasam, A., Nayak, V. M., Bhat, S. S. (2016). Characterization of antibiotic resistant and enzyme producing bacterial strains isolated from the Arabian sea. *3 Biotech*, 6(1), 1-11. doi:10.1007/s13205-015-0332-3
- Tan, A., Hill, D. M., Harrison, O. B., Srikhanta, Y. N., Jennings, M. P., Maiden, M. C., & Seib, K. L. (2016). Distribution of the type III DNA methyltransferases modA, modB and modD among *Neisseria meningitidis* genotypes: implications for gene regulation and virulence. *Scientific reports*, 6.
- Tarr, C. L., Patel, J. S., Puhr, N. D., Sowers, E. G., Bopp, C. A., & Strockbine, N. A. (2007). Identification of *Vibrio* isolates by a multiplex PCR assay and rpoB sequence determination. *Journal of clinical microbiology*, 45(1), 134-140.
- Tempark, T., Lueangarun, S., Chatproedprai, S., & Wananukul, S. (2013). Flood-related skin diseases: a literature review. *International journal of dermatology*, 52(10), 1168-1176.
- Thermo Scientific. (2013). Nucleic Acid Purity Ratios. Recuperado el 20 de 04 de 2017, de NanoDrop: <http://www.nanodrop.com/Library/T042-NanoDrop-Spectrophotometers-Nucleic-Acid-Purity-Ratios.pdf>

- Thomas, V., Casson, N., & Greub, G. (2006). *Criblamydia sequanensis*, a new intracellular Chlamydiales isolated from Seine river water using amoebal co-culture. *Environmental Microbiology*, 8(12), 2125-2135.
- Ting, P. T., & Freiman, A. (2004). The story of *Clostridium botulinum*: from food poisoning to Botox. *Clinical medicine*, 4(3), 258-261.
- Toledo, F. L., Gonzalez-Lopez, J., & Calvo, C. (2008). Production of bioemulsifier by *Bacillus subtilis*, *Alcaligenes faecalis* and *Enterobacter* species in liquid culture. *Bioresource technology*, 99(17), 8470-8475.
- Tong, S. Y., Davis, J. S., Eichenberger, E., Holland, T. L., & Fowler, V. G. (2015). *Staphylococcus aureus* infections: epidemiology, pathophysiology, clinical manifestations, and management. *Clinical microbiology reviews*, 28(3), 603-661.
- Trevisan, M., Padovani, L., & Capri, E. (2000). Nounpoint-source agricultural Hazard Index. A case study of the Province of Cremona, Italy. *Environmental Management*, 577-584.
- Trigui, H., Dudyk, P., Oh, J., Hong, J. I., & Faucher, S. P. (2015). A regulatory feedback loop between RpoS and SpoT supports the survival of *Legionella pneumophila* in water. *Applied and environmental microbiology*, 81(3), 918-928.
- Trost, E., & Tauch, A. (2014). Comparative Genomics and Pathogenicity Islands of *Corynebacterium diphtheriae*, *Corynebacterium ulcerans*, and *Corynebacterium pseudotuberculosis*. In *Corynebacterium diphtheriae* and Related Toxigenic Species (pp. 39-65). Springer Netherlands.
- Tzelepi, E., Arvanitidou, M., Mavroidi, A., & Tsakris, A. (1999). Antibiotic susceptibilities of *Yersinia enterocolitica* and *Y. intermedia* isolates from aquatic environments. *Journal of medical microbiology*, 48(2), 157-160.
- UDEA. (Sin fecha). Universidad de Antioquia. Recuperado el 5 de 11 de 2015, de http://docencia.udea.edu.co/bacteriologia/MicrobiologiaAmbiental/microbiologia_10.pdf
- 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
- UNAVARRA (2004). Universidad Pública de Navarra. Microbiología Clínica: Tema 5 - Interacción con los microorganismos. Recuperado el 4 de 5 de 2017, de <http://www.unavarra.es/genmic/microclinica/tema05.pdf>
- Underwood, A. J. (2000). Importance of experimental design in detecting and measuring stresses in marine populations. *Journal of Aquatic Ecosystem Stress and Recovery (Formerly Journal of Aquatic Ecosystem Health)*, 7(1), 3-24.

- Urakawa, H., Yoshida, T., Nishimura, M., & Ohwada, K. (2000). Characterization of depth related population variation in microbial communities of a coastal marine sediment using 16S rDNA-based approaches and quinone profiling. *Environmental Microbiology*, 2(5), 542-554.
- Urrea, U. (2012). Análisis de las prácticas de vida asociadas a la basura, los residuos y los desechos en la población costera de Sisal, Yucatán: propuesta de modelo de manejo. (Tesis de pregrado). Universidad Nacional Autónoma de México, Sisal-Yucatán.
- Vaca, S. D. (2016). Prevalencia de *Staphylococcus aureus* meticilino resistente en portadores nasales del personal de salud de las áreas: Unidad de Cuidados Intensivos, Neonatología, Quirófanos y el Anexo de Traumatología del Hospital Carlos Andrade Marín, de octubre a diciembre 2015.
- Varadarajan, A., Babu, K. S., & Sekaran, G. (2015). In situ bioremediation of Chromium contaminated soil using a novel cationic lipopeptide biosurfactant from *Alcaligenes aquatilis* sp (Doctoral dissertation).
- Vaseeharan, B., Sundararaj, S., Murugan, T., y Chen, JC (2007). *Photobacterium damsela* ssp. *damsela* asocia con enfermos camarón tigre negro *Penaeus monodon* Fabricius en la India. Letón. *Appl. Microbiol.* 45, 82-86. doi: 10.1111 / j.1472-765X.2007.02139.x
- Vazquez, R. C., Gomez, M., Barrera, H., Hernandez, N., Dumas, S., & Ascencio, F. (2005). Evaluation of DNA vaccination of spotted sand bass (*Paralabrax maculatofasciatus*) with two major outer-membrane protein-encoding genes from *Aeromonas veronii*. *Fish & shellfish immunology*, 19(2), 153-163.
- Vazquez, S., Ruberto, L., & Mac Cormack, W. (2005). Properties of extracellular proteases from three psychrotolerant *Stenotrophomonas maltophilia* isolated from Antarctic soil. *Polar Biology*, 28(4), 319-325.
- Viau, E. J., & Boehm, A. B. (2011). Quantitative PCR-based detection of pathogenic *Leptospira* in Hawaiian coastal streams. *Journal of water and health*, 9(4), 637-646.
- Villadangos, A. F., Ordóñez, E., Pedre, B., Messens, J., Gil, J. A., & Mateos, L. M. (2014). Engineered coryneform bacteria as a bio-tool for arsenic remediation. *Applied microbiology and biotechnology*, 98(24), 10143-10152.
- Waddell, L., Rajić, A., Stärk, K., & McEwen, S. A. (2016). *Mycobacterium avium* ssp. paratuberculosis detection in animals, food, water and other sources or vehicles of human exposure: a scoping review of the existing evidence. *Preventive Veterinary Medicine*, 132, 32-48.
- Wadowsky, R. M., Wilson, T. M., Kapp, N. J., West, A. J., Kuchta, J. M., Dowling, J. N., & Yee, R. B. (1991). Multiplication of *Legionella* spp. in tap water containing *Hartmannella vermiformis*. *Applied and environmental microbiology*, 57(7), 1950-1955.

- Waldenström, J., Broman, T., Carlsson, I., Hasselquist, D., Achterberg, R. P., Wagenaar, J. A., & Olsen, B. (2002). Prevalence of *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter lari*, and *Campylobacter coli* in different ecological guilds and taxa of migrating birds. *Applied and Environmental Microbiology*, 68(12), 5911-5917.
- Wan, N., & Darah, I. (2005). *Vibrio ruber* (S2A1), a marine bacterium that exhibits significant antimicrobial activity. *Mal J Microbiology*, 1(1), 25-30.
- Wang, R. F., Cao, W. W., & Cerniglia, C. E. (1996). PCR detection and quantitation of predominant anaerobic bacteria in human and animal fecal samples. *Applied and Environmental Microbiology*, 62(4), 1242-1247.
- Wang, R. F., Luneau, A., Cao, W. W., & Cerniglia, C. E. (1995). PCR detection of polycyclic aromatic hydrocarbon degrading mycobacteria. *Environmental science & technology*, 30(1), 307-311.
- Wargacki, A. J., Leonard, E., Win, M. N., Regitsky, D. D., Santos, C. N. S., Kim, P. B., & Lakshmanaswamy, A. (2012). An engineered microbial platform for direct biofuel production from brown macroalgae. *Science*, 335(6066), 308-313.
- 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
- Wee, S. K., Burns, J. L., & DiChristina, T. J. (2014). Identification of a molecular signature unique to metal reducing Gammaproteobacteria. *FEMS microbiology letters*, 350(1), 90-99.
- Wijesinghe, R. U., Oster, R. J., Haack, S. K., Fogarty, L. R., Tucker, T. R., & Riley, S. C. (2015). Spatial, temporal, and matrix variability of *Clostridium botulinum type E* toxin gene distribution at great lakes beaches. *Applied and Environmental Microbiology*, 81(13), 4306-4315. doi:10.1128/AEM.00098-15
- Wu, L., Wen, C., Qin, Y., Yin, H., Tu, Q., Van Nostrand, J. D., ... & Zhou, J. (2015). Phasing amplicon sequencing on Illumina Miseq for robust environmental microbial community analysis. *BMC microbiology*, 15(1), 125.
- Xu, M., Wang, F., Meng, J., & Xiao, X. (2007). Construction and preliminary analysis of a metagenomic library from a deep sea sediment of east Pacific Nodule Province. *FEMS microbiology ecology*, 62(3), 233-241.
- Yakimov, M. M., Gentile, G., Bruni, V., Cappello, S., D'Auria, G., Golyshin, P. N., & Giuliano, L. (2004). Crude oil induced structural shift of coastal bacterial communities of rod bay (Terra Nova Bay, Ross Sea, Antarctica) and characterization of cultured cold adapted hydrocarbonoclastic bacteria. *FEMS Microbiology Ecology*, 49(3), 419-432.

- Yamahara, K. M., Sassoubre, L. M., Goodwin, K. D., & Boehm, A. B. (2012). Occurrence and persistence of bacterial pathogens and indicator organisms in beach sand along the California coast. *Applied and environmental microbiology*, 78(6), 1733-1745.
- Yamaki, S., Kawai, Y., & Yamazaki, K. (2015). Characterization of a novel bacteriophage, Phd1, infecting the histamine-producing *Photobacterium damsela* subsp. *damsela*. *Journal of applied microbiology*, 118(6), 1541-1550.
- Yang, F., Liu, L., & Liu, C. (2011). Screening, characterization, and application of *Shigella flexneri* FB5 in fomesafen contaminated soil. Paper presented at the Procedia Engineering, , 18 277-284. doi:10.1016/j.proeng.2011.11.043
- Yellamanda, B., Vijayalakshmi, M., Kavitha, A., Reddy, D. K., & Venkateswarlu, &. (2016). Extraction and bioactive profile of the compounds produced by *Rhodococcus* sp. VLD-10. *3 Biotech*, 6(2), 261.
- Ylikoski, J., Savolainen, S., & Jousimies-Somer, H. (1989). Bacterial flora in the nasopharynx and nasal cavity of healthy young men. *ORL*, 51(1), 50-55.
- Yuan, M., Yu, Y., Li, H. R., Dong, N., & Zhang, X. H. (2014). Phylogenetic diversity and biological activity of actinobacteria isolated from the Chukchi Shelf marine sediments in the Arctic Ocean. *Marine drugs*, 12(3), 1281-1297.
- Zavala, A., Quiñones, E., & Vázquez, C. (2005). La vida oscura de *Vibrio alginolyticus*. *Revista Digital UNAM*, Volumen 6 Número 4 • ISSN: 1067-6079
- Zavala, J., O. Salmerón, V. Aguilar, S. Cerdeira y M. Kolb. (2005). Caracterización y regionalización de los procesos oceanográficos de los mares mexicanos. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO) http://www.conabio.gob.mx/gap/index.php/Procesos_oceanogr%C3%A1ficos (consultado en marzo de 2015).
- Zeng, Y. X., Yu, Y., Qiao, Z. Y., Jin, H. Y., & Li, H. R. (2014). Diversity of bacterioplankton in coastal seawaters of Fildes Peninsula, King George Island, Antarctica. *Archives of microbiology*, 196(2), 137-147.
- Zhang, H., Zhang, Y., Hou, Z., Wang, X., Wang, J., Lu, Z., . . . Pan, H. (2016). Biodegradation potential of deltamethrin by the *Bacillus cereus* strain Y1 in both culture and contaminated soil. *International Biodeterioration and Biodegradation*, 106, 53-59. doi:10.1016/j.ibiod.2015.10.005
- Zhang, J., Kobert, K., Flouri, T., Stamatakis, A. (2014). PEAR: A fast and accurate Illumina Paired-End reAd mergeR. *Bioinformatics* 30(5): 614-620, 2014.
- Zhang, R. G., Tan, X., Zhao, X. M., Deng, J., & Lv, J. (2014). Moheibacter sediminis gen. nov., sp. nov., a member of the family Flavobacteriaceae isolated from sediment, and emended descriptions of *Empedobacter brevis*, *Wautersiella falsenii* and *Weeksellia*

virosa. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 64(5), 1481-1487.

Zhang, R., Lau, S. C., Ki, J. S., Thiyagarajan, V., & Qian, P. Y. (2009). Response of bacterioplankton community structures to hydrological conditions and anthropogenic pollution in contrasting subtropical environments. *FEMS microbiology ecology*, 69(3), 449-460.

Zhang, X., Norris, D. E., & Rasgon, J. L. (2011). Distribution and molecular characterization of Wolbachia endosymbionts and filarial nematodes in Maryland populations of the lone star tick (*Amblyomma americanum*). *FEMS microbiology ecology*, 77(1), 50-56.

Zhang, Z., Hou, Z., Yang, C., Ma, C., Tao, F., & Xu, P. (2011). Degradation of n-alkanes and polycyclic aromatic hydrocarbons in petroleum by a newly isolated *Pseudomonas aeruginosa* DQ8. *Bioresource Technology*, 102(5), 4111-4116. doi:10.1016/j.biortech.2010.12.064

Zhao, S., Hu, N., Chen, Z., Zhao, B., & Liang, Y. (2009). Bioremediation of reclaimed wastewater used as landscape water by using the denitrifying bacterium *Bacillus cereus*. *Bulletin of environmental contamination and toxicology*, 83(3), 337-340.

Zhong, L., Chen, J., Zhang, X. H., & Jiang, Y. A. (2009). Entry of *Vibrio cincinnatiensis* into viable but nonculturable state and its resuscitation. *Letters in applied microbiology*, 48(2), 247-252.

Zhou, S., Li, L., Perseke, M., Huang, Y., Wei, J., & Qin, Q. (2015). Isolation and characterization of a *Klebsiella pneumoniae* strain from mangrove sediment for efficient biosynthesis of 1, 3-propanediol. *Science Bulletin*, 60(5), 511-521.

10. Anexos

Anexo A.									
Punto de muestreo	Temperatura (°C)	Oxígeno disuelto (%)	Oxígeno disuelto (mg/L)	pH	Salinidad (‰)	Sólidos disueltos totales TDS (mg/L)	Conductividad (µS/cm)	Corrección conductividad K25	Redox pH mV
Bajo de 10	26.1	109	8.6	8.02	32.57	32370	50880	49833	ND
Puerto de abrigo - mar	29.83	76	4.85	8.06	32.46	32350	54200	49623	-42.7
UMDI	27.9	120	7.8	8.07	33.01	32825	53231	50437	4.1
LANRESC punto 5	28.7	127	8.2	8.17	32.98	32825	54000	50436	21.2
LANRESC punto 3	28.7	142	9.2	8.16	33.88	32695	53811	50259	49.2
Oeste del muelle	29.3	106	6.8	8.2	32.85	32695	54237	50121	37.8
Este del muelle	29.2	108	6.9	8.23	32.92	32760	54541	50491	41.7
Desagüe de la granja camaronera	33.3	107	6.1	8.53	36.1*	35685	63525	54832	-100.6
Ojo de agua - La Carbonera	25.2	29	2.2	6.99	1.8*	2225	3447	3434	85.3
Ojo de agua - anidamiento de aves	25	4	0.3	6.90	3.47*	4135	6357	6357	67
Ojo de agua - La Bocana	26.64	4.7	0.35	7.41	1.76*	2195	3470	3365	-7.5
Puerto de abrigo - mirador	26.91	16.7	1.16	8.58	25.76*	24410	38922	37551	-58.9
Puerto de abrigo - laguna	30.01	27.3	1.78	8.08	25.82*	26390	44483	40592	-43.8
Cerca de la población (borde habitado)	30.3	12.9	4.95	8.57	19.72*	20690	35021	31822	-69.9
Cerca de la estación de gasolina	28.3	51.5	3.61	8.51	19.03*	19990	32693	30752	-2.6
Periferia al Basurero	30.2	44	3	8.12	16.51*	17628	29801	27109	166.5
La Bocana entrada	31.1	86	5.25	8.67	36.03	35550	61070	54703	-75.8
La Bocana fondo medio	33.3	109.4	6.4	8.83	38.42	37720	67221	58020	-84.3
La Bocana fondo profundo	35.04	136.5	7.78	9.02	38.4	37750	63220	53055	-94.8

* Estos valores no se tiene en cuenta porque la sonda multiparámetro está diseñada para ambientes marinos
 Anexo A Parámetros fisicoquímicos de los puntos de muestreo

Anexo B.

Lugar	Coliformes totales (UFC/100 ml)	Coliformes fecales (UFC/100 ml)	Temperatura (°C)	pH	Conductividad (µS/cm)	Potasio (mg/L)	Sodio (mg/L)	Magnesio (mg/L)	Calcio (mg/L)
Ojo de agua – La Carbonera	148	120	25	7.9	5.25	16.80	461.74	77.52	132.38
Ojo de agua - anidamiento de aves	420	300	25	8.03	6.41	36.69	1007.61	145.35	128.80
Periferia al Basurero	Incontables	78	24	8.51	30.6	204.4550	5781.465	839.6250	245.5750
Bajo de 10	10	Negativo	25.5	8.29	56.3	434.3125	11876.46	1452.0375	468.9000
UMDI	280	Negativo	24	8.39	57.4	433.6875	12016.35	1498.3250	477.8625
LANRESC punto 5	94	Negativo	23.8	8.45	57.7	437.3625	12124.69	1493.8500	494.7875
LANRESC punto 3	Incontables	61	24	8.41	57.1	433.7250	11985.9	1496.1833	499.0250
Oeste del muelle	36	Negativo	23.5	8.44	57.6	445.7875	12167	1465.6125	510.6000
Este del muelle	Incontables	Negativo	23.5	8.5	57.3	432.3750	12059.81	1497.9000	485.8375
Desagüe de la granja camaronera	Incontables	5	24	8.89	62.3	480.4000	13163.26	1602.6250	534.0500

Anexo B Unidades formadoras de colonias y cationes presentes en las muestras de agua

Anexo C.

Lugar	N-NH3 (mg/l)	N-NKT (mg/l)	N-ORG (mg/l)	P-PO4 (mg/l)	C TOTAL (mg/l)	C-ORG (mg/l)	C-INORG (mg/l)	SST (mg/l)
Ojo de agua – La Carbonera	0.29	0.644	0.354	0.3	105.8	2.2	103.6	3
Ojo de agua - anidamiento de aves	0.65	1.03	0.38	0.7	96.2	5.98	90.22	9
Periferia al Basurero	0.47	0.7	0.23	0.6	1.3	1905	1820.16	84.16
Bajo de 10	0.12	0.646	0.526	0.1	0.146	35.06	2.68	32.38
UMDI	0.21	0.7	0.49	0.7	1.1	47.25	9.32	37.93
LANRESC punto 5	0.11	0.56	0.45	0.4	0.9	45.15	8.63	36.52
LANRESC punto 3	0.08	1.26	1.18	0.7	1	45.9	7.78	38.12
Oeste del muelle	0.16	1.4	1.24	0.3	1.1	47.25	7.78	37.93
Este del muelle	0.17	0.98	0.81	2.9	0.7	44.99	6.65	38.34
Desagüe de la granja camaronera	0.19	0.84	0.65	0.8	1.1	55.18	23.45	31.73

Anexo C *Nitrógeno, fosforo, carbono y solidos totales suspendidos en las muestras de agua*

Anexo D.

Muestra	% Humedad	% Nitrógeno	% Carbono	% Hidrógeno	% Azufre	% Oxígeno
Bajo de 10	35.920	0.022	1.195	0.017	0.000	1.814
Puerto de abrigo - mar	27.390	0.026	1.096	0.019	0.000	1.648
UMDI	31.660	0.017	1.052	0.014	0.000	1.857
LANRESC punto 5	28.910	0.016	1.021	0.014	0.000	1.719
LANRESC punto 3	30.190	0.012	1.159	0.015	0.000	1.758
Oeste del muelle	29.070	0.013	1.107	0.015	0.000	1.765
Este del muelle	30.580	0.020	1.064	0.014	0.000	2.361
Desagüe granja camarонера	30.250	0.025	0.936	0.019	0.000	1.817
Puerto de abrigo - mirador	69.230	0.080	1.405	0.125	0.024	1.741
Puerto de abrigo - laguna	28.910	0.020	1.257	0.020	0.000	1.802
Cerca de la población (borde habitado)	76.330	0.125	1.482	0.143	0.000	1.730
Cerca de la estación de gasolina	27,410	0.011	0.684	0.010	0.000	1.830
Periferia basurero	84.570	0.215	3.714	0.372	0.000	2.268
La Bocana entrada	37.310	0.034	1.193	0.026	0.000	1.665
La Bocana fondo medio	59.330	0.054	1.349	0.066	0.000	1.897
La Bocana fondo profundo	48.970	0.027	1.061	0.043	0.000	1.634
Ojo de agua – La Bocana	90.460	0.157	2.823	0.302	0.000	1.964
Ojo de agua - anidamiento de aves	89.440	0.203	4.001	0.455	0.111	1.800
Ojo de agua – La Carbonera	84.810	0.115	2.496	0.259	0.000	1.839

Anexo D *Porcentaje de humedad, nitrógeno, carbono, hidrógeno, azufre y oxígeno de las muestras de sedimento*

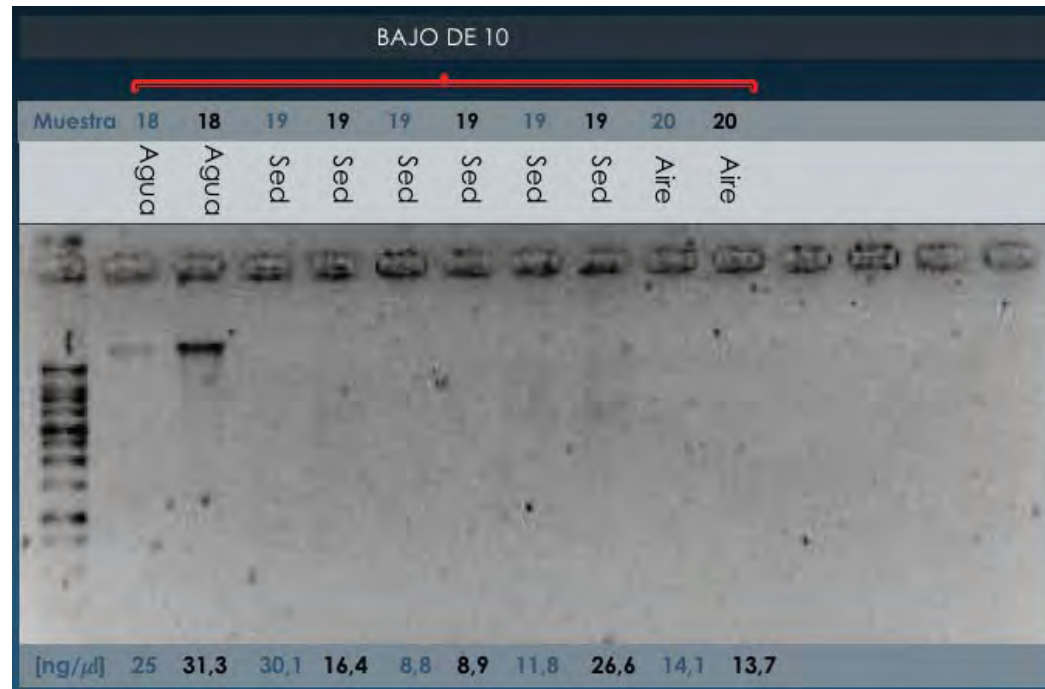
Visualización de ADN – geles de agarosa (muestras por duplicado)

Anexo E.



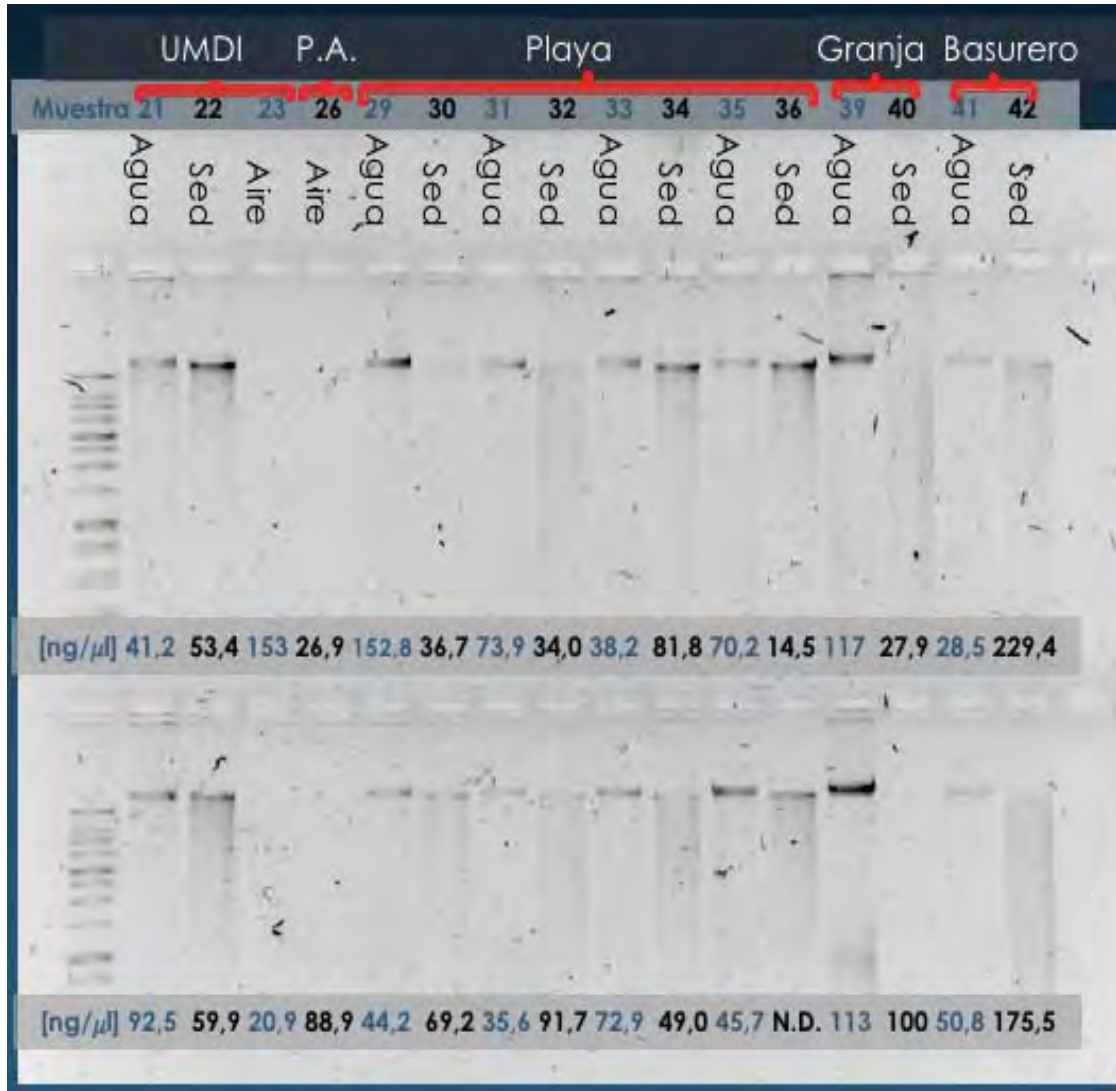
Anexo E Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico de las muestras de sedimento (muestra 15) y agua (muestra 16) del ojo de agua del anidamiento de aves, extraído por los métodos lisis in situ - absorción en sílice y con kit (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría)

Anexo F.



Anexo F Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico de las muestras de agua (muestra 18), sedimento (muestra 19 a, 19 b y 19 c) y aire (muestra 20) del Bajo de 10, extraído por los métodos lisis in situ - absorción en sílice (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría)

Anexo G.



Anexo G Gel de agarosa al 1 % con ADN metagenómico de las muestras de agua (muestra 21, 29, 31, 33, 35, 39 y 41), sedimento (muestra 22, 30, 32, 34, 36, 40 y 42) y aire (muestra 23 y 26) de UMDI, Puerto de abrigo, LANRESC 5 (29 y 30), LANRESC 3 (31 y 32), Oeste del muelle (33 y 34), Este del muelle (35 y 36), Desagüe granja camaronera y Periferia basurero, extraído por los métodos lisis in situ - absorción en sílice (en la parte inferior está la lectura de la concentración de las muestras por espectrofotometría)

Anexo H.

Punto de muestreo	Medio	Fluorómetro	Nanodrop ONE	Nanodrop 2000					
		Concentración (ng/μl)			260 (A)	280 (A)	<u>260</u> 280	<u>260</u> 230	
Ojo de agua – La Carbonera	Sedimento	Filtro 0.45 μm	-	-	67.7	1.355	0.978	1.39	0.82
		Filtro 0.45 μm	-	-	64	1.28	0.956	1.34	0.79
	Agua	Filtro 0.45 μm	-	-	20.1	0.403	0.19	2.12	0.3
		Filtro 0.45 μm	-	-	31.2	0.624	0.332	1.88	0.48
		Filtro 0.22 μm	-	-	12.2	0.244	0.118	2.06	0.59
		Filtro 0.22 μm	-	-	7	0.139	0.061	2.28	0.29
Ojo de agua - anidamiento de aves	Sedimento	Silice	-	-	38.6	0.772	0.416	1.85	0.79
		Silice	-	-	42.4	0.848	0.534	1.59	0.72
		Kit	-	-	30.2	0.604	0.392	1.54	0.89
		Kit	-	-	29.2	0.585	0.349	1.68	0.57
	Agua	Silice	-	-	21.3	0.425	0.195	2.18	0.35
		Silice	-	-	14	0.28	0.113	2.47	0.32
		Kit	-	-	18.6	0.373	0.262	1.42	0.61
		Kit	-	-	21.9	0.437	0.257	1.7	0.72
		Filtro 0.22 μm	-	-	23.4	0.469	0.219	2.14	0.87
		Filtro 0.22 μm	-	-	13.7	0.274	0.131	2.09	0.64
Bajo de 10	Agua	-	-	31.3	0.625	0.324	1.93	0.56	
	Sedimento	-	-	51.9	0.328	0.183	1.79	0.64	
UMDI	Agua	33.8	100.131	92.5	1.85	1.144	1.62	0.65	
	sedimento	-	-	59.9	1.199	0.763	1.57	0.72	

Punto de muestreo	Medio	Fluorómetro	Nanodrop ONE	Nanodrop 2000				
		Concentración (ng/μl)			260 (A)	280 (A)	<u>260</u> 280	<u>260</u> 230
Puerto de abrigo - mar	Sedimento	18	-	41.2	0.177	0.105	1.68	0.46
	Agua	42	-	181.7	-	-	1.35	-
Puerto de abrigo - mirador	Sedimento	12	-	63.1	0.532	0.304	1.75	0.81
	Agua	16	-	51.0	-	-	1.59	-
LANRESC punto 5	Agua	7.4	48.268	44.2	0.884	0.335	2.64	0.53
	sedimento	11.15	82.876	69.2	1.383	0.92	1.5	0.66
LANRESC punto 3	Agua	5.5	40.467	35.6	0.711	0.386	1.85	0.55
	sedimento	5.8	23	91.7	1.834	1.214	1.51	0.69
Oeste del muelle	Agua	-	-	72.9	1.458	0.907	1.61	0.61
	sedimento	-	-	49	0.979	0.589	1.66	0.68
Este del muelle	Agua	-	-	45.7	0.914	0.517	1.77	0.6
	sedimento	-	-	ND	-	-	-	-
Cerca de la población (borde habitado)	sedimento	3.5	-	21.1	1.487	1.067	1.39	0.66
	Agua	9.4	-	41.4	-	-	1.61	-
Cerca de la estación de gasolina	sedimento	9.4	-	153.5	-	-	1.29	-
	Agua	10	-	53.5	-	-	1.50	-
Desagüe de la granja camaronera	Agua	-	37.8	133	2.659	1.594	1.67	0.72
	sedimento	11.69	115.373	100	2.001	1.27	1.58	0.7
Periferia al Basurero	Agua	1.47	-	50.8	1.015	0.642	1.58	0.47
	sedimento	5.9	144.856	175.5	3.51	2.668	1.32	0.58
Ojo de agua - La Bocana	Sedimento	1.8	-	91.9	-	-	1.12	-
La Bocana entrada	Sedimento	18	-	45.3	-	-	1.44	-

Punto de muestreo	Medio	Fluorómetro	Nanodrop ONE	Nanodrop 2000				
		Concentración (ng/μl)			260 (A)	280 (A)	$\frac{260}{280}$	$\frac{260}{230}$
La Bocana fondo medio	Sedimento	1.24	-	21.2	-	-	1.29	-
La Bocana fondo profundo	Sedimento	0.195	-	8.2	-	-	1.15	-
Puerto de abrigo - laguna	Sedimento	2.4	-	27.6	-	-	1.26	-
Ojo de agua - La Bocana	Agua	0.42	-	15.9	-	-	1.33	-
La Bocana entrada	Agua	19	-	38.4	-	-	1.63	-
La Bocana fondo medio	Agua	7.5	-	25.9	-	-	1.44	-
La Bocana fondo profundo	Agua	14	-	38.5	-	-	1.66	-
Puerto de abrigo - laguna	Agua	29	-	80.4	-	-	1.59	-

Anexo H *Cuantificación del ADN de los puntos muestreados, por fluorometría y espectrofotometría (Nanodrop 2000 y Nanodrop ONE), absorbancias y relación de pureza de las diferentes extracciones preliminares*

Anexo I.

Punto de muestreo	Medio	Concentración (ng/μl)	260 (A)	280 (A)	<u>260</u> 280	<u>260</u> 230	
Ojo de agua – La Carbonera	1	Agua	48.4	0.968	0.642	1.508	1.406
	2		17.8	1.034	0.703	1.472	1.412
Ojo de agua - anidamiento de aves	Sílice	Agua	0	1.431	0.951	1.504	1.49
	Kit		46.6	0.933	0.606	1.538	1.398
UMDI	1	Agua	0	1.443	0.976	1.478	1.47
	1		28.25	1.008	0.637	1.582	1.375
	2	Sedimento	26.5	1.01	0.639	1.581	1.413
	3		45.4	0.909	0.576	1.578	1.361
LANRESC punto 5	1	Agua	48.3	0.965	0.634	1.523	1.412
	1		42.2	0.844	0.552	1.528	1.384
	2	Sedimento	40.7	0.814	0.546	1.49	1.099
	3		0	2.04	1.369	1.49	1.592
LANRESC punto 3	1	Agua	40.5	0.809	0.522	1.551	1.236
	1		Sedimento	23	1.002	0.668	1.5
Desagüe granja camaronera	1	Agua	37.8	1.452	0.905	1.605	1.463
	1		29.05	1.35	0.898	1.504	1.379
	2	Sedimento	47.3	0.946	0.638	1.482	1.238
	3		39.1	0.782	0.537	1.455	1.241
Periferia al basurero	1	Agua	0	1.484	0.979	1.515	1.437
	1		84.7	1.693	1.23	1.376	0.831
	2	Sedimento	30	1.246	0.862	1.446	1.063
	3		30.25	1.968	1.395	1.411	1.189

Anexo I Cuantificación del ADN de muestras purificadas por espectrofotometría (Nanodrop ONE),
absorbancias y relación de pureza

Anexo J.

Géneros patógenos	Vías de acceso			
	GI	R	T	OS
<i>Actinobacteria</i>	2	5	1	3
<i>Corynebacterium</i>		1		1
<i>Mycobacterium</i>	2	4	1	1
<i>Tsukamurella</i>				1
Alphaproteobacteria				2
<i>Brucella</i>				1
<i>Ehrlichia</i>				1
<i>Rhodobacter</i>				
Bacilli	5	3	2	5
<i>Bacillus</i>	2	1	1	1
<i>Enterococcus</i>	1			1
<i>Listeria</i>	1			1
<i>Staphylococcus</i>	1	1	1	1
<i>Streptococcus</i>		1		1
Betaproteobacteria	1	5	3	4
<i>Alcaligenes</i>	1	1	1	1
<i>Burkholderia</i>		3	2	2
<i>Neisseria</i>		1		1
Chlamydiia	1	1		1

Géneros patógenos	Vías de acceso			
	GI	R	T	OS
<i>Chlamydia</i>	1	1		1
Clostridia	2		2	3
<i>Clostridium</i>	2		2	3
Cyanophyceae	2		1	1
<i>Anabaena</i>	1		1	
<i>Microcystis</i>	1			1
Dothideomycetes		1	1	1
<i>Aureobasidium</i>		1	1	1
Epsilonproteobacteria	3			2
<i>Campylobacter</i>	2			1
<i>Helicobacter</i>	1			1
Eurotiomycetes		4	2	3
<i>Aspergillus</i>		3	1	1
<i>Coccidioides</i>		1	1	1
<i>Penicillium</i>				1
Flavobacteriia			1	1
<i>Chryseobacterium</i>			1	1
Gammaaproteobacteria	18	9	12	16
<i>Acinetobacter</i>	2	2	2	2

Géneros patógenos	Vías de acceso			
	GI	R	T	OS
<i>Aeromonas</i>	2	1	1	1
<i>Coxiella</i>	1	1		
<i>Francisella</i>				1
<i>Grimontia</i>	1			
<i>Haemophilus</i>		1		1
<i>Klebsiella</i>		1	1	1
<i>Legionella</i>		1		
<i>Photobacterium</i>	1		1	
<i>Pseudomonas</i>		1	1	1
<i>Salmonella</i>	1			1
<i>Shigella</i> spp.	1			
<i>Stenotrophomonas</i>		1	1	1
<i>Vibrio</i>	8		5	7
<i>Yersinia</i>	1			
Saccharomycetes	1			1
<i>Saccharomyces</i>	1			1
Spirochaetia		1	1	1
<i>Leptospira</i>		1	1	1
Total general	35	29	26	44

Anexo J Clasificación de los 65 agentes etiológicos de interés por género según la vía de afectación al humano, Gastrointestinal (GI), Respiratorio (R), Tópico (T) y Otros Sistemas (OS)

Anexo K.

Géneros patógenos	A. potable	A. dulce	A. salada	A. residual	Suelo	Sedimento	Aire	Alimentos	Fomites	Nosocomial	Heces	Humanos	Aves	Mamíferos y/o vector
Actinobacteria	4	2	3		4	3	2	2	1	1	1	2	1	1
<i>Corynebacterium</i>			1			1						1		
<i>Mycobacterium</i>	4	2	1		4	1	2	2	1	1	1	1	1	1
<i>Tsukamurella</i>			1			1								
Alfaproteobacteria		1	1	1	1	1								2
<i>Brucella</i>														1
<i>Ehrlichia</i>														1
<i>Rhodobacter</i>		1	1	1	1	1								
Bacilli	3	4	4	1	4	3	3	3	3	1	2	3	1	4
<i>Bacillus</i>	1	2	1		2		1	1	2					1
<i>Enterococcus</i>			1		1	1	1				1	1		1
<i>Listeria</i>	1	1	1		1	1		1			1		1	1
<i>Staphylococcus</i>	1	1	1	1		1		1	1	1		1		1
<i>Streptococcus</i>							1					1		
Betaproteobacteria	1	4	2	1	4	2	1	1	1	1	2	1		1
<i>Alcaligenes</i>	1	1	1	1	1	1		1		1	1			
<i>Burkholderia</i>		3	1		2	1								1
<i>Neisseria</i>					1		1		1		1	1		
Chlamydiia	1				1			1	1		1		1	1
<i>Chlamydia</i>	1				1			1	1		1		1	1
Clostridia	1	2	3		4	3		2	1	1	3			2
<i>Clostridium</i>	1	2	3		4	3		2	1	1	3			2
Cyanophyceae	1	1	2			1		1						
<i>Anabaena</i>			1			1		1						
<i>Microcystis</i>	1	1	1											
Dothideomycetes					1			1						
<i>Aureobasidium</i>					1			1						
Epsilonproteobacteria	2	1	3		2	3		2			1	1	3	1
<i>Campylobacter</i>	1	1	2		2	2		1					2	1
<i>Helicobacter</i>	1		1			1		1			1	1	1	

Géneros patógenos	A. potable	A. dulce	A. salada	A. residual	Suelo	Sedimento	Aire	Alimentos	Fomites	Nosocomial	Heces	Humanos	Aves	Mamíferos y/o vector
Eurotiomycetes		2	2		3		2	3						
<i>Aspergillus</i>		2	2		1			2						
<i>Coccidioides</i>					1		1							
<i>Penicillium</i>					1		1	1						
Flavobacteriia		1	1		1	1				1				
<i>Chryseobacterium</i>		1	1		1	1				1				
Gammaproteobacteria	10	21	25	5	10	16	4	18	4	7	6	2	1	7
<i>Acinetobacter</i>		2	2		1					2				
<i>Aeromonas</i>	2	3	3	1	2	2		2	1	1			1	1
<i>Coxiella</i>		1	1		1	1	1	1			1			1
<i>Francisella</i>	1	1	1	1	1		1	1	1					1
<i>Grimontia</i>			1					1						
<i>Haemophilus</i>		1	1			1	1					1		
<i>Klebsiella</i>		1	1		1	1					1	1		1
<i>Legionella</i>	1	1	1	1			1		1	1				
<i>Photobacterium</i>		1	1			1		1						1
<i>Pseudomonas</i>	1	1	1	1	1	1		1	1		1			1
<i>Salmonella</i>	1	1	1			1		1			1			
<i>Shigella</i> spp.	1		1			1		1			1			
<i>Stenotrophomonas</i>	1	1	1	1	1	1				1				1
<i>Vibrio</i>	2	6	8		2	6		8		2	1			
<i>Yersinia</i>		1	1					1						
Saccharomycetes					1			1				1		
<i>Saccharomyces</i>					1			1				1		
Spirochaetia	1	1	1	1	1									1
<i>Leptospira</i>	1	1	1	1	1									1
Total general	24	40	47	9	37	33	12	35	11	12	16	10	7	20

Anexo K Clasificación de los 65 agentes etiológicos de interés por género de acuerdo al medio en el que la literatura reporta que habitan

Anexo L.

<i>Agente etiológico</i>	<i>Biorremediación</i>			<i>Otros usos</i>
	<i>Hidrocarburos</i>	<i>Pesticidas</i>	<i>Metales</i>	
<i>Acinetobacter baumannii</i>	x			
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	x			
<i>Aeromonas hydrophila</i>	x		x	Biosurfactantes
<i>Aeromonas schubertii</i>	x		x	Biosurfactantes
<i>Aeromonas veronii subsp. sobria</i>	x		x	Biosurfactantes
<i>Alcaligenes</i>	x	x	x	Biosurfactantes
<i>Anabaena</i> sp.				Fertilizante natural y eliminación de CO2
<i>Aspergillus flavus</i>				
<i>Aspergillus niger</i>				
<i>Aspergillus</i> sp.	x	x	x	Degradación de colorantes
<i>Aureobasidium pullulans</i>				
<i>Bacillus anthracis</i>	x		x	
<i>Bacillus cereus</i>	x	x	x	Producción de bioetanol, agente de control biológico, producción de antibióticos
<i>Brucella abortus</i>				
<i>Burkholderia cepacia</i>	x			Producción de antibióticos
<i>Burkholderia mallei</i>	x			
<i>Burkholderia pseudomallei</i>				Biocatalizador
<i>Campylobacter coli</i>				

<i>Agente etiológico</i>	<i>Biorremediación</i>			<i>Otros usos</i>
	<i>Hidrocarburos</i>	<i>Pesticidas</i>	<i>Metales</i>	
<i>Campylobacter fetus</i>				
<i>Campylobacter jejuni</i>				
<i>Chlamydia psittaci</i>				
<i>Clostridium botulinum</i>				Industria farmacéutica
<i>Clostridium perfringens</i>	x			
<i>Clostridium tetani</i>		x		
<i>Coccidioides immitis</i>				
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>			x	
<i>Coxiella burnetii</i>				
<i>Ehrlichia spp.</i>				
<i>Elizabethkingia meningoseptica</i>		x		
<i>Enterococcus faecalis</i>	x			Industria de alimentos y farmacéutica
<i>Francisella tularensis</i>				
<i>Grimontia hollisae</i>				Industria farmacéutica
<i>Haemophilus influenzae</i>				
<i>Helicobacter pylori</i>				
<i>Klebsiella pneumoniae</i>				Industrial
<i>Legionella pneumophila</i>				
<i>Leptospira interrogans</i>				
<i>Listeria monocytogenes</i>				

<i>Agente etiológico</i>	<i>Biorremediación</i>			<i>Otros usos</i>
	<i>Hidrocarburos</i>	<i>Pesticidas</i>	<i>Metales</i>	
<i>Microcystis</i> sp.			x	
<i>Mycobacterium avium</i>	x			
<i>Mycobacterium kansasii</i>	x			
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	x			Deshalogenación de alcanos
<i>Mycobacterium xenopi</i>				
<i>Neisseria meningitidis</i>				
<i>Penicillium italicum</i>	x			
<i>Peptoclostridium difficile</i>				
<i>Photobacterium damsela</i>				
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	x	x	x	Biodegradación de medicamentos, producción de biosurfactantes
<i>Rhodobacter sphaeroides</i>				Industria farmacéutica, Producción de Hidrogeno (fuente energética)
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>				Industria alimenticia, producción de etanol
<i>Salmonella enterica serovar Typhi</i>				
<i>Shigella</i> spp.		x		
<i>Staphylococcus aureus</i>				Degradación de colorantes
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>				Control biológico y biorremediación de explosivos
<i>Streptococcus pneumoniae</i>				
<i>Tsukamurella</i>	x			Industria farmacéutica y producción de biocombustibles

<i>Agente etiológico</i>	<i>Biorremediación</i>			<i>Otros usos</i>
	<i>Hidrocarburos</i>	<i>Pesticidas</i>	<i>Metales</i>	
<i>Vibrio alginolyticus</i>				Producción de biodetergentes, protección contra otros patógenos
<i>Vibrio Cholerae</i>				
<i>Vibrio cincinnatiensis</i>				
<i>Vibrio furnissii</i>				
<i>Vibrio mimicus</i>	x			
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>			x	
<i>Vibrio splendidus</i>				Producción de biocombustible
<i>Vibrio vulnificus</i>		x		Industrial
<i>Yersinia enterocolitica</i>				Producción de enzimas

Anexo L Clasificación de los 65 agentes etiológicos de interés de acuerdo a la aplicación en biorremediación o industrial