



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

ESCUELA NACIONAL DE ESTUDIOS SUPERIORES, UNIDAD
MORELIA

BIOLOGÍA EXPERIMENTAL

**“Diversidad de bacterias xerófilas de sedimentos desérticos de
Tierra Caliente, Michoacán y del Gran Desierto de Altar, Sonora”**

TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE
MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

PRESENTA:

CRISTAL RAMOS MADRIGAL

TUTOR PRINCIPAL DE TESIS:

DR. LUIS EDUARDO SERVÍN GARCIDUEÑAS

ESCUELA NACIONAL DE ESTUDIOS SUPERIORES UNIDAD MORELIA. UNAM

COMITÉ TUTOR:

DRA. YUNUEN TAPIA TORRES

ESCUELA NACIONAL DE ESTUDIOS SUPERIORES UNIDAD MORELIA. UNAM

DRA. MARIA ESPERANZA MARTÍNEZ ROMERO

CENTRO DE CIENCIAS GENÓMICAS. UNAM

MORELIA, MICHOACÁN ENERO 2023



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.



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

ESCUELA NACIONAL DE ESTUDIOS SUPERIORES, UNIDAD
MORELIA

BIOLOGÍA EXPERIMENTAL

**“Diversidad de bacterias xerófilas de sedimentos desérticos de
Tierra Caliente, Michoacán y del Gran Desierto de Altar, Sonora”**

TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE
MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

PRESENTA:

CRISTAL RAMOS MADRIGAL

TUTOR PRINCIPAL DE TESIS:

DR. LUIS EDUARDO SERVÍN GARCIDUEÑAS

ESCUELA NACIONAL DE ESTUDIOS SUPERIORES UNIDAD MORELIA. UNAM

COMITÉ TUTOR:

DRA. YUNUEN TAPIA TORRES

ESCUELA NACIONAL DE ESTUDIOS SUPERIORES UNIDAD MORELIA. UNAM

DRA. MARIA ESPERANZA MARTÍNEZ ROMERO

CENTRO DE CIENCIAS GENÓMICAS. UNAM

MORELIA, MICHOACÁN ENERO 2023

COORDINACIÓN DEL POSGRADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
ENTIDAD ESCUELA NACIONAL DE ESTUDIOS SUPERIORES UNIDAD MORELIA

OFICIO CPCB/1102/2022

ASUNTO: Oficio de Jurado

M. en C. Ivonne Ramírez Wence
Directora General de Administración Escolar, UNAM
P r e s e n t e

Me permito informar a usted que en la reunión ordinaria del Comité Académico del Posgrado en Ciencias Biológicas, celebrada el día **10 de octubre de 2022** se aprobó el siguiente jurado para el examen de grado de **MAESTRA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS** en el campo de conocimiento de **Biología Experimental** de la estudiante **RAMOS MADRIGAL CRISTAL** con número de cuenta **415118471** con la tesis titulada "**Diversidad de bacterias xerófilas de sedimentos desérticos de Tierra Caliente, Michoacán y del Gran Desierto de Altar, Sonora**", realizada bajo la dirección del **DR. LUIS EDUARDO SERVÍN GARCIDUEÑAS** quedando integrado de la siguiente manera:

Presidente: DRA. LUISA ISAURA FALCÓN ÁLVAREZ
Vocal: DRA. MARIA SOLEDAD VÁSQUEZ MURRIETA
Vocal: DRA. ROCÍO JETZABEL ALCÁNTARA HERNÁNDEZ
Vocal: DRA. PATRICIA VÉLEZ AGUILAR
Secretario: DRA. MARÍA ESPERANZA MARTÍNEZ ROMERO

Sin otro particular, me es grato enviarle un cordial saludo.

ATENTAMENTE
"POR MI RAZA HABLARÁ EL ESPÍRITU"
Ciudad Universitaria, Cd. Mx., a 29 de noviembre de 2022

COORDINADOR DEL PROGRAMA



DR. ADOLFO GERARDO NAVARRO SIGÜENZA



Agradecimientos institucionales

Al **Posgrado de Ciencias Biológicas UNAM** por el apoyo y las facilidades para poder realizar mi maestría. Al **Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)** por la beca que me otorgo con la cual pude realizar mis estudios de maestría (programa 000289 - MAESTRÍA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS, No. Apoyo **1084853**).

A mi tutor el Dr. Luis Eduardo Servín Garcidueñas, por haberme aceptado como su alumna de maestría, por su tiempo, paciencia y motivación; por asesorarme y guiarme a través de mis estudios de maestría. A la Dra. Yunuen Tapia Torres y a la Dra. María Esperanza Martínez Romero por formar parte de mi comité tutor, por sus consejos, su tiempo e interés en mi formación académica, así como en mi proyecto, muchas gracias.

Agradecimientos a título personal

Al **Laboratorio Nacional de Análisis y Síntesis Ecológica** (LANASE) por permitirme usar su servidor de cómputo para llevar a cabo mis análisis.

Agradezco a mi jurado, conformado por la Dra. Rocío Alcántara Hernández, la Dra. Luisa Falcón Álvarez, la Dra. Esperanza Martínez Romero, la Dra. Soledad Vásquez Murrieta y la Dra. Patricia Vélez Aguilar, por su gran entusiasmo y por su tiempo en la revisión de mi tesis. Todos sus comentarios enriquecieron enormemente mi escrito. Muchas gracias por su apoyo.

A mis padres, por apoyarme en mis decisiones, en cada paso de mi avance académico, por siempre estar ahí para mí. A mi hermana, Jazmín, por apoyarme a la distancia en cada momento, con sus consejos, su apoyo emocional y ayuda en el manejo de programas bioinformáticos. A Fany por ayudarme con el estrés, por distraerme y hacerme reír, por ser mi psicóloga y mi mejor amiga cuando lo necesito.

A Fernando, por facilitarme el análisis de datos, con sus habilidades computacionales, por su paciencia, cariño y motivación para mejorar cada día.

A mis compañeros y amigos del laboratorio Hermes y Roberto, por guiarme y compartirme útiles consejos y experiencias del posgrado, ayudarme en el uso de programas bioinformáticos y guiarme en el análisis de mis datos.

Dedicatoria

Le dedico esta Tesis a mi mamá y a mi papá. Soy quien soy debido a ustedes, y quiero que sepan que para mí, lo son todo. Los amo infinitamente.

ÍNDICE

Resumen.....	1
Abstract.....	2
1. INTRODUCCIÓN	3
Ambientes extremos.....	3
Los desiertos.....	3
Desiertos de México.....	3
Diversidad microbiana.....	4
Bacterias Xerófilas y mecanismos de resistencia.....	4
Desierto de Tierra Caliente Michoacán.....	4
Gran Desierto de Altar, Sonora.....	5
Ambientes hidrotermales en México.....	6
Campo geotérmico Los Azufres, Michoacán.....	6
2. ANTECEDENTES	7
Desiertos.....	7
Campo geotérmico Los Azufres, Michoacán.....	10
Aplicaciones de los microorganismos extremófilos.....	12
3. JUSTIFICACIÓN	12
4. HIPÓTESIS	13
Tierra Caliente, Michoacán y el Gran Desierto de Altar, Sonora.....	13
Campo geotérmico Los Azufres, Michoacán.....	13
5. OBJETIVOS	13
Objetivo general.....	13
Objetivos específicos:	13
Objetivos adicionales:	14
6. MATERIALES Y MÉTODOS	14
Tierra Caliente, Michoacán y el Gran Desierto de Altar, Sonora.....	14
Colecta de muestra de sedimento de Tierra Caliente, Michoacán.....	14
Colecta de muestra de sedimento del Desierto de Altar, Sonora.....	14
Extracción, purificación y secuenciación de amplicones de ARNr 16S.....	15
Limpieza de secuencias y asignación de ASVs.....	16
Construcción de árbol filogenético.....	17
Diversidad alfa y beta.....	17

Análisis de abundancia diferencial.....	17
Campo geotérmico Los Azufres, Michoacán.....	17
Colecta de muestras.....	17
Extracción, purificación y secuenciación de amplicones de ARNr 16S.....	18
Limpieza de secuencias y asignación de ASVs.....	18
Construcción de árbol filogenético.....	19
Análisis de diversidad alfa y beta.....	19
Análisis de abundancia diferencial.....	19
7. RESULTADOS.....	19
Tierra Caliente, Michoacán.....	19
Identificación taxonómica.....	19
Árbol filogenético.....	26
Desierto de Altar, Sonora.....	27
Identificación taxonómica.....	27
Árboles filogenéticos.....	35
Diversidad Alfa y Beta.....	36
Análisis de abundancia diferencial ANCOM.....	38
Los Azufres, Michoacán.....	39
Identificación taxonómica.....	39
Árbol filogenético.....	48
Análisis de Diversidad y abundancia diferencial.....	48
8. DISCUSIÓN.....	51
Tierra Caliente, Michoacán y el Gran Desierto de Altar, Sonora.....	51
Composición bacteriana.....	52
Árboles Filogenéticos.....	54
Diversidad.....	55
Los Azufres, Michoacán.....	55
Composición bacteriana.....	55
Nuevas identificaciones.....	57
Análisis de diversidad.....	58
9. CONCLUSIONES.....	60
Tierra Caliente, Michoacán y el Gran Desierto de Altar, Sonora.....	60
Los Azufres, Michoacán.....	61

10. PERSPECTIVAS.....	61
Tierra Caliente, Michoacán y el Gran Desierto de Altar, Sonora.....	61
Los Azufres, Michoacán.....	62
11. REFERENCIAS.....	62
ANEXO 1: Scripts del procesamiento de datos en QIIME2.....	77
ANEXO 2: Géneros identificados en Los Azufres Michoacán, sin identificaciones en antecedentes previos.	82
ANEXO 3: Artículos publicados	84
Bacterial Diversity Profiling of Desert Sand from Tierra Caliente, Mexico, Based on 16S rRNA Gene Amplicon Sequencing.....	84
Metagenome-Assembled Genome of <i>Acidibrevibacterium fodinaquatile</i> FLA01 from Fumarole Sediments from the Los Azufres Geothermal Field.....	85

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Microbioma en regiones desérticas de todo el mundo. Principales grupos taxonómicos encontrados.	8
Tabla 2. Microbioma de sistemas hidrotermales continentales de todo el mundo. Principales grupos taxonómicos encontrados.....	11
Tabla 3. Parámetros fisicoquímicos al momento del muestreo para cada región desértica.	14
Tabla 4. Identificaciones taxonómicas a nivel de género de bacterias encontradas en TC. En orden de mayor a menor abundancia. Las dos únicas identificaciones de arqueas, están subrayadas en azul.	21
Tabla 5. Bacterias identificadas hasta nivel de especie en TC.	26
Tabla 6. Géneros de bacterias identificados en las DA del Gran Desierto de Altar, Sonora. Las arqueas están subrayadas en azul.....	28
Tabla 7. Bacterias identificadas hasta nivel de especie en las DA del Gran Desierto de Altar, Sonora.	30
Tabla 8. Géneros identificados en las CS del Gran Desierto de Altar, Sonora. Las arqueas están subrayadas en azul.	32
Tabla 9. Especies de arqueas y bacterias, identificadas en las CS del Gran Desierto de Altar, Sonora. Las arqueas están subrayadas en azul.....	35
Tabla 10. Identificaciones a nivel de género encontradas en la región de BT en LA.	43

Tabla 11. Identificaciones a nivel de especie encontradas en la región de BT en LA.	45
Tabla 12. Identificaciones a nivel de género encontradas en la región de MM, en LA.	46
Tabla 13. Especies identificadas en las muestras de MM, en LA.	47

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Regiones áridas de México. Se señala la región árida de TC y el estado de Sonora, así como las Reservas de la Biósfera, en las cuales se tomaron las muestras para el presente estudio. Tomado y modificado de SEMARNAT, 2013.	5
Figura 2. Principales focos termales en México. Tomado y modificado de Santoyo-Gutiérrez y Torres-Alvarado, 2010.	6
Figura 3. Mapa del sitio de muestreo. Reserva de la Biósfera “Zicuirán Infiernillo” en TC.	15
Figura 4. Sitio de muestreo de sedimento desértico de Zicuirán Infiernillo en TC. A. Imagen antes del muestreo y B. Después del muestreo. Círculo rojo encierra el sitio del cual se tomó la muestra superficial.	15
Figura 5. Mapa de muestreo de las DA y CS en el Gran Desierto de Altar, Sonora.	16
Figura 6. Sitio de muestreo de sedimento desértico del Gran Desierto de Altar, Sonora. A. Dunas de arena y B. Costras salinas.	17
Figura 7. Sitios termales de LA, donde se tomaron muestras para analizar la composición bacteriana. A) Sedimentos de la zona de MM. B) Sedimentos de la zona BT.	18
Figura 8. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de filo, encontradas en las muestras de sedimento desnudo de Zicuirán Infiernillo en TC.	20
Figura 9. Gráfico circular que muestra los 48 géneros más abundantes identificados en la muestra de TC. *El porcentaje sólo incluye a las identificaciones hechas hasta nivel de género.	25
Figura 10. Árbol filogenético basado en secuencias bacterianas ribosomales 16S, de la muestra de TC, utilizando el algoritmo Fast Tree con 1000 bootstrap.	26
Figura 11. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de filo, encontradas en la muestra de sedimento de las DA del desierto de Altar, Sonora.	27
Figura 12. Gráfico circular que muestra los 48 géneros más abundantes identificados en las muestras DA del Gran Desierto de Altar, Sonora. *El porcentaje sólo incluye a las identificaciones hechas hasta nivel de género.	30

Figura 13. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de filo, encontradas en la muestra de las CS del desierto de Altar, Sonora.	31
Figura 14. Gráfico circular que muestra los 48 géneros más abundantes identificados en las CS del Gran Desierto de Altar, Sonora. *El porcentaje sólo incluye a las identificaciones hechas hasta nivel de género.....	34
Figura 15. Árbol filogenético a nivel de Filo, basado en secuencias bacterianas ribosomales 16S, de las muestras de DA del Desierto de Sonora, utilizando el algoritmo Fast Tree con 1000 Bootstrap.....	35
Figura 16. Árbol filogenético a nivel de clase, basado en secuencias bacterianas ribosomales 16S, de las muestras de CS del Desierto de Sonora, utilizando el algoritmo Fast Tree con 1000 Bootstrap.....	36
Figura 17. Análisis de diversidad alfa de bacterias en las distintas muestras de sedimentos desérticos. Los resultados de la prueba de Kruskal-Wallis indica diferencias significativas en las medidas de diversidad alfa de TC y DA del desierto de Sonora contra las CS del desierto de Sonora, con un patrón similar entre los índices de a) Shannon y b) Faith (*P=0.05).	37
Figura 18. Diversidad beta. Diagrama PCoA 2D obtenido del análisis de las muestras de TC y del Desierto de Sonora, por el método UNIFRAC ponderado.	38
Figura 19. Diagrama de Venn que muestra el número de géneros compartidos entre cada sitio desértico explorado en el presente estudio: CS y DA del Gran desierto de Altar, Sonora y TC, Michoacán.....	38
Figura 20. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de Filo encontradas en las muestras de la región de MM, en el campo geotérmico de LA.	39
Figura 21. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de Filo encontradas en las muestras de la región BT, en el campo geotérmico de LA.....	40
Figura 22. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de Clase, encontradas en las muestras de la región de MM, en el campo geotérmico de LA.	41
Figura 23. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de Clase, encontradas en las muestras de la región BT, en el campo geotérmico de LA.....	42
Figura 24. Gráfico circular que muestra los géneros más abundantes identificados en la región de BT en LA. Todos los taxones que no fueron identificados al nivel taxonómico familiar o superior no están incluidos.....	45
Figura 25. Gráfico circular que muestra los géneros más abundantes identificados en la región de MM. Todos los taxones que no fueron identificados al nivel taxonómico familiar o superior no están incluidos.	47

Figura 26. Árbol filogenético basado en secuencias bacterianas ribosomales 16S, de las dos muestras analizadas de LA (MM y BT), utilizando el algoritmo Fast Tree con 1000 bootstrap... 48

Figura 27. Análisis de diversidad alfa de bacterias en dos distintas muestras de LA. Los resultados de la prueba de Kruskal-Wallis indica diferencias significativas en las medidas de diversidad alfa de muestras entre sitio para ambos: a) índice de Shannon y b) índice de Faith (*P=0.05). 49

Figura 28. Gráfico de coordenadas principales (PCoA 2D) visualizado con la herramienta Emperor, muestra las distancias entre los grupos de diversidad beta por sitios. El análisis PERMANOVA probó que existe una diferencia significativa de las métricas ponderadas de UniFrac entre los dos distintos sitios de LA estudiados: Manantiales de Marítaro (A) y Balnearios termales (C). 50

Figura 29. Análisis de composición del microbioma con el método ANCOM. Gráfico Volcano generado en el resumen del Test de ANCOM, donde se representa el valor del estadístico W en el test para cada género, frente al F-score. 50

Resumen

Los ambientes extremos son sitios de gran interés en el área de la Astrobiología. El estudio de los microorganismos que los habitan puede brindarnos información útil sobre cómo pudieron darse los primeros eventos que dieron origen a la vida en nuestro planeta. Además, nos permite indagar sobre los mecanismos implicados en su resistencia a estas condiciones adversas. El presente estudio, analizó la diversidad bacteriana de dos ambientes extremos de México, sedimentos desérticos de la región de Tierra Caliente, Michoacán (TC) y de dunas de arena (DA) y costras salinas (CS) del Gran Desierto de Altar, Sonora, así como de sedimentos de dos sitios termales: la región de manantiales termales de Marítaro (MM) y de los Balnearios termales (BT) del campo geotérmico de Los Azufres, Michoacán (LA). Se emplearon técnicas de secuenciación de amplicones de genes ribosomales 16S y se analizaron los datos por medio de técnicas bioinformáticas, para obtener información de la composición taxonómica bacteriana, diversidad y abundancia. En TC, y DA se encontró una gran diversidad bacteriana, donde Actinobacteriota, Proteobacteria, Chloroflexi, Acidobacteriota y Firmicutes fueron los filos más abundantes. En estas dos muestras, además se identificaron arqueas de los filos Thermoplasmatota y Crenarchaeota, todos anteriormente reportados en regiones desérticas del mundo. Se identificaron géneros relevantes en estudios de radioresistencia como *Rubrobacter*, *Deinococcus*, *Geodermatophilus*, *Bacillus*, *Microvirga* y *Nocardia*, y especies como *Bacillus subtilis*, estudiada debido a la capacidad de sus esporas, de resistir condiciones espaciales y simuladas de Marte. En CS, el 50% de la abundancia relativa estuvo representada por el filo Halobacterota, con 14 géneros del orden Halobacterales. Arqueas Halobacterales han sido previamente encontradas en ambientes hipersalinos de todo el mundo, dentro de las que destacan las especies *Halalkalicoccus jeotgali* y *Natronococcus occultus*, que fueron identificadas en CS. Los tres sitios desérticos tuvieron taxones en común, bacterias y arqueas xerófilas conocidas por su capacidad de sobrevivir en condiciones áridas. Un total de 28 géneros bacterianos estuvieron presentes en los tres sitios.

La diversidad de bacterias de LA estuvo integrada principalmente por los filos: Proteobacteria, Actinobacteriota, Acidobacteriota y Firmicutes. En las muestras de MM también se encontró el filo de arqueas Thermoplasmatota, mientras que, en BT fueron identificadas arqueas de los filos Crenarchaeota y Thermoplasmatota. Fueron identificados también taxones como el género *Acidocella* y bacterias del orden Burkholderiales, anteriormente encontradas dentro de la corrosión por picaduras en las tuberías empleadas para las plantas geotérmicas, así como géneros involucrados en el ciclo del hierro y el azufre como *Thiomonas* y *Acidithiobacillus*. Los tres órdenes de arqueas encontradas en el presente estudio en LA, Micrarchaeales, Sulfolobales y Thermoplasmatales, concuerdan también con estudios anteriores. Fueron identificados 84 géneros nuevos antes no reportados en estas regiones de LA, entre los que destacan *Kocuria*, *Aeromonas*, *Actinobacterium* y *Dietzia*, géneros poli extremófilos los cuales concuerdan con otros ambientes geotérmicos en distintos lugares del mundo. Los índices de Shannon y Faith mostraron una mayor diversidad en las muestras de MM y una menor diversidad en BT y el análisis ANCOM mostró una abundancia diferencial entre muestras de distintos sitios, para el género *Ferrimicrobium* y una bacteria más de la clase Acidimicrobiia.

Los análisis de secuenciación masiva de genes ribosomales ARNr 16S, son una excelente aproximación para estudiar el microbioma de una muestra ambiental. Como resultado del presente trabajo, se han identificado muestras que son viables de secuenciarse vía metagenómica como perspectivas para estudios posteriores.

Abstract

Extreme environments are sites of great interest in the area of Astrobiology. The study of the microorganisms that inhabit them can provide us useful information on how the first events that gave rise to life on our planet could have occurred. It also allows us to investigate the mechanisms involved in its resistance to these adverse conditions. The present study analyzed the bacterial diversity of two extreme environments in Mexico, desert sediments from Tierra Caliente, Michoacán (TC) and sand dunes (DA) and salt crusts (CS) from the Gran Desierto de Altar, Sonora as well as sediments from two thermal sites: the Maritaro thermal springs region (MM) and the thermal spas (BT) of Los Azufres geothermal field, Michoacán (LA). Sequencing of 16S ribosomal gene amplicons were used, and data were analyzed using bioinformatic techniques to obtain information on bacterial taxonomic composition, diversity and abundance. In TC, and DA a great bacterial diversity was found, where Actinobacteriota, Proteobacteria, Chloroflexi, Acidobacteriota and Firmicutes were the most abundant phyla. In these two samples, archaea of the Thermoplasmatota and Crenarchaeota phyla were also identified, all previously reported in desert regions around the world. Relevant genera in radio resistance studies, were identified, such as *Rubrobacter*, *Deinococcus*, *Geodermatophilus*, *Bacillus*, *Microvirga* and *Nocardia*, and species such as *Bacillus subtilis*, which are studied due to the ability of its spores to resist spatial and simulated Mars conditions. In CS, 50% of the relative abundance was represented by the Halobacterota phylum; 14 genera of the order Halobacterales, archaea previously found in hypersaline environments around the world, were identified in these samples, among which the species *Halalkalicoccus jeotgali* and *Natronococcus occultus* stand out. The three desert sites shared common taxa, bacteria and xerophytic archaea known for their ability to survive in arid conditions at high levels of radiation and low humidity. A total of 28 bacterial genera were identified at the three sites.

The genomic diversity of LA bacteria was mainly represented by the phyla: Proteobacteria, Actinobacteriota, Acidobacteriota and Firmicutes. In the MM samples, the Thermoplasmatota phylum of archaea was also found, while in BT, archaea of the Crenarchaeota and Thermoplasmatota phyla were identified. Taxa such as genus *Acidocella*, and bacteria of the order Burkholderiales, previously found in pitting corrosion in pipes used for geothermal plants, as well as genera involved in the iron and sulfur cycle, such as *Thiomonas* and *Acidithiobacillus*, were also identified with high abundances. The three orders of archaea found in the present study, in LA: Micrarchaeales, Sulfolobales and Thermoplasmatales, agree with previous studies. 84 new genera were identified, not previously reported in these LA regions, among which *Kocuria*, *Aeromonas*, *Actinobacterium* and *Dietzia* stand out, polyextremophiles genera which are consistent with other geothermal environments in all the world. The Shannon and Faith indices showed a higher diversity in the MM samples and a lower diversity in the BT, and the ANCOM analysis showed a differential abundance between samples from different sites for the genus *Ferrimicrobium* and one more bacterium of the Acidimicrobiia class.

From this study, targeted metagenomic sequencing analyzes of ribosomal gene amplicons can be proposed as an excellent approximation to find out which organisms are present in an environmental sample. As a result of this work, samples that are feasible to be sequenced via metagenomics have been identified as prospects for further studies.

1. INTRODUCCIÓN

Ambientes extremos

La vida, como la conocemos, tiene ciertos requerimientos indispensables, entre los que están la presencia de agua líquida, una fuente de carbono y una fuente de energía, entre otros (Aerts *et al.*, 2014). Los parámetros fisicoquímicos ambientales como la temperatura, el pH, la salinidad, presión, etc., pueden limitar el acceso a estos requerimientos, por lo que existen límites en los parámetros físicos y químicos dentro de los cuales puede desarrollarse la vida de forma apropiada.

Los ambientes considerados como "extremos" son definidos en una visión antropocéntrica, por la presencia de uno o más parámetros fisicoquímicos más allá del rango óptimo para el desarrollo de los humanos (Thiel, 2011). Podemos encontrar ambientes extremos en temperatura, en pH, concentraciones de sales, altas o bajas presiones o incluso en escasez de agua, aun así, en todos estos ambientes encontramos microorganismos que son capaces de sobrevivir y adaptarse (Aerts *et al.*, 2014).

Algunos de los entornos más "extremos" de la Tierra incluyen aguas termales, aguas profundas, regiones congeladas, regiones desérticas, ambientes muy ácidos o alcalinos, entre otros (Lindgren *et al.*, 2016).

Los desiertos

Los desiertos son biomas que se caracterizan por presentar temperaturas extremas, alta radiación solar y un déficit de humedad, es decir, tienen una mayor pérdida de agua a través de la evaporación de la que reciben por la precipitación anual. Estos biomas forman parte de una clasificación más amplia de regiones denominadas «áridas», que equivalen a más de un tercio de los biomas del planeta, así como una quinta parte del total de la superficie de la Tierra (Laity, 2009). Además, una mayor proporción de esta superficie terrestre está bajo amenaza continua de desertificación como resultado de actividades antropogénicas, tales como el cambio de uso de suelo (Foley *et al.*, 2005) y también debido al cambio climático (Le Houerou, 1996).

La Comisión Nacional de las Zonas Áridas, ha clasificado a los desiertos de acuerdo a la cantidad de lluvia que cae en promedio al año. Los extremadamente áridos tienen al menos 12 meses consecutivos sin lluvia los semiáridos tienen entre 500 y 250 mm de precipitación anual y los áridos, menos de 250 mm (CONAZA, 1994).

Desiertos de México

En México, los ecosistemas áridos y semiáridos abarcan casi el 42% de las hectáreas forestales que tiene el país, según estimaciones de la Comisión Nacional de Zonas Áridas (CONAFOR, 2018). Éstos se caracterizan por tener una topografía muy variada, como pastizales planos o regiones arenosas con dunas, en el desierto de Sonora o las dunas de yeso de Cuatro Ciénegas, Coahuila y otras con escarpadas laderas montañosas como en el desierto de Chihuahua, lo cual resulta en que podamos encontrar una enorme diversidad biológica en ellos (González, 2012).

Diversidad microbiana

Los microorganismos del suelo como algas, hongos y cianobacterias tienen un papel importante en la estabilidad y la productividad de los ecosistemas áridos, donde las plantas son típicamente escasas (Belnap y Gardner 1993; Pointing *et al.*, 2007). Los microorganismos que sobreviven sin agua entran en un estado de anhidrobiosis en el cual las células suspenden su metabolismo, pero continúan viables (Potts *et al.*, 2005). En suelos desérticos de todo el mundo se han reportado organismos de los tres dominios de la vida, siendo los más abundantes los del dominio Bacteria (Steven *et al.*, 2014). La disponibilidad de agua es el principal factor que controla la actividad bacteriana, la biomasa y la diversidad en suelos desérticos (Kieft, 2002).

Bacterias Xerófilas y mecanismos de resistencia

En ambientes desérticos, las intensas dosis de radiación, las elevadas temperaturas y la baja humedad, son condiciones que afectan a las comunidades bacterianas. Las bacterias xerófilas son organismos extremófilos que requieren una baja disponibilidad de agua (Gargaud, 2011). Una de las propiedades bacterianas más comunes de resistencia a condiciones extremas de desecación es la formación de esporas; estas estructuras permiten a las bacterias resistir a condiciones diversas como radiación gamma y UV, enzimas hidrolíticas, sustancias tóxicas como agentes genotóxicos, agentes oxidantes, aldehídos, ácidos y álcalis (Setlow, 2014).

Otra adaptación es la acumulación de disacáridos (entre ellos la sacarosa) que protegen a las bacterias de la desecación; algunas bacterias además, son capaces de precipitar óxidos de manganeso y hierro así como partículas de arcilla cementada sobre las rocas con la finalidad de protegerse de las elevadas dosis de radiación (Ramírez *et al.*, 2006). También se han observado comunidades bacterianas líticas, dominadas por cianobacterias, que habitan los espacios porosos de las rocas, aprovechando la condensación de agua y la protección contra la elevada radiación en estos microhábitats (Boison *et al.*, 2004; Cockell y Stokes, 2004).

Bacterias de los géneros *Deinococcus*, *Geodermatophilus* e *Hymenobacter* han sido recuperadas de suelo desértico tras la exposición a dosis de radiación ionizante, tan intensas de hasta 30 kGy (Raney *et al.*, 2005). *Deinococcus radiodurans* es una bacteria conocida por su elevada resistencia a la radiación ionizante, luz UV, así como a la desecación y agentes oxidantes (Slade y Radman, 2011). Otras bacterias con elevada resistencia a la radiación, incluyen especies de los géneros *Chroococcidiopsis*, *Acinetobacter*, *Kineococcus*, *Kocuria*, *Methylobacterium* (Raney *et al.*, 2005) y *Rubrobacter* (Cox y Battista, 2005).

Desierto de Tierra Caliente Michoacán

En Michoacán, la región de TC es un valle muy seco con una precipitación promedio anual de 600 mm, con temperaturas extremadamente calurosas que incluso superan los 50 °C durante el verano y disminuyen hasta los 10 °C en invierno (González, 2012). Esta región se caracteriza también por su baja humedad, la cual se mantiene por debajo de 20%, llegando a estar a 5% en los meses más secos (González, 2012).

Gran Desierto de Altar, Sonora

Por otro lado, La Reserva de la Biosfera El Pinacate y Gran Desierto de Altar, Sonora es una región extremadamente árida y caliente que abarca más de 7 mil hectáreas, localizadas en la esquina noroccidental de Sonora (SEMARNAT, 2013). Su temperatura media anual oscila entre los 18° y 22° C, en el verano puede elevarse hasta los 56.7°C, y en el invierno descender a -8.3°C (SEMARNAT, 2013). El agua en esta área natural protegida es muy escasa, con periodos de hasta 34 meses sin lluvia, y tan sólo 52 milímetros de precipitación pluvial anual (INE, 1995).

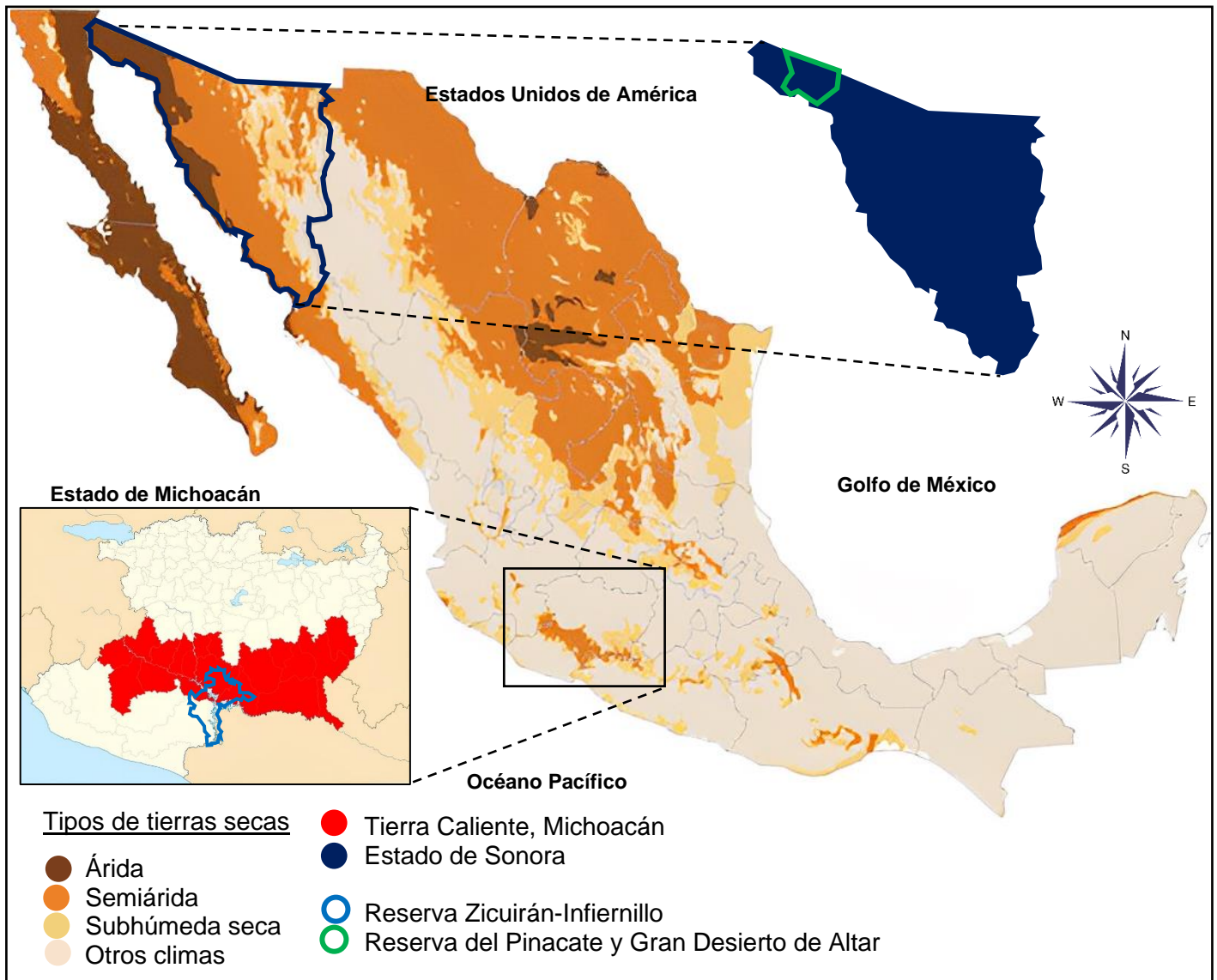


Figura 1. Regiones áridas de México. Se señala la región árida de TC y el estado de Sonora, así como las Reservas de la Biósfera, en las cuales se tomaron las muestras para el presente estudio. Tomado y modificado de SEMARNAT, 2013.

Ambientes hidrotermales en México

En México, existe una amplia variedad de ambientes extremos debido a su topografía. El Cinturón Volcánico Transmexicano es una zona volcánicamente activa, que atraviesa al país de este a oeste, en la que se alojan el 79 por ciento de las anomalías termales conocidas en México (González –Ruiz *et al.*, 2016). La mayor concentración de focos termales se ubica en el borde norte del Cinturón Volcánico Mexicano, coincidiendo con la presencia de calderas en esta porción, como ejemplo: la Caldera de La Primavera (Jalisco) y la de Los Humeros y Acoculco (Puebla) (González-Ruiz *et al.*, 2016) y el campo geotérmico de Los Azufres, ubicados en el Estado de Michoacán, por mencionar algunos (Figura 19). Estos sistemas hidrotermales continentales, son ambientes con múltiples parámetros extremos, lo cual promueve una biodiversidad única de gran interés en campos de la investigación básica, la astrobiología y la biotecnología (Aguilera *et al.*, 2020).

Campo geotérmico Los Azufres, Michoacán

En Michoacán, el campo geotérmico de LA, es una zona de protección forestal compuesta por un bosque de coníferas, manantiales termales y pequeñas lagunas, se ubica a una elevación de 2800 msnm y posee suelos constitutivos ácidos de origen coluvio–aluvial derivados de cenizas volcánicas (Mendoza-Rangel y Hernández-Ayala, 2004). Los Azufres albergan una gran cantidad de manifestaciones termales, principalmente manantiales y fumarolas así como piscinas de lodo hirviendo, todos naturales y altamente mineralizados (Birkle y Merkle 2000) que pueden alcanzar temperaturas mayores a los 90°C y pH menores a 4 (Tello-López y Suarez-Arriaga, 2000).



Figura 2. Principales focos termales en México. Tomado y modificado de Santoyo-Gutiérrez y Torres-Alvarado, 2010.

2. ANTECEDENTES

Desiertos

Actualmente ya se ha estudiado la diversidad de comunidades microbianas en suelos de algunas regiones áridas del mundo. De estos estudios, la mayoría han empleado la secuenciación masiva de genes ribosomales 16S (Tabla 1).

En suelos desérticos de todo el mundo, los microorganismos predominantes son las bacterias (Steven *et al.*, 2014), siendo los filos más abundantes: Actinobacteriota, Bacteroidota y Proteobacteria (Chanal *et al.*, 2006; Connon *et al.*, 2007; Lester *et al.*, 2007; Fierer *et al.*, 2009) así como otros linajes bacterianos que incluyen Gemmatimonadota, Firmicutes y Cyanobacteria (Bahlet *et al.*, 2011; Lacap *et al.*, 2011; Makhalyane *et al.*, 2013), filos que pueden ser comparativamente más abundantes en este tipo de suelos que en otros biomas (Fierer *et al.*, 2012).

Algunos desiertos mexicanos han sido estudiados para conocer la diversidad bacteriana de suelo desértico. Rainey y colaboradores en 2005, llevaron a cabo una comparación de la diversidad bacteriana resistente a radiación ionizante de dos muestras de suelo; una de ellas proveniente de una región del desierto de Sonora, entre Phoenix y Tucson y otra proveniente de un bosque de Louisiana, al sur de Estados Unidos. Por medio de secuenciación masiva del gen ribosomal 16S, recuperaron aislados bacterianos de los géneros *Deinococcus*, *Geodermatophilus* e *Hymenobacter* del suelo árido, después de la exposición a dosis tan altas de hasta 17 a 30 kGy (Rainey *et al.*, 2005).





Se sabe que las comunidades de plantas pueden afectar a las comunidades bacterianas del suelo a través de interacciones dentro de la rizósfera (Berg y Smalla, 2011). Por otro lado, se ha sugerido que el microbioma rizosférico puede estimular el crecimiento de las plantas ayudando a la solubilización de nutrientes, fijación de nitrógeno atmosférico y absorción de hierro (Arif *et al.*, 2020; Blake *et al.*, 2021), así como mejorar la resistencia de las plantas a patógenos, por medio de la producción de enzimas líticas, proteasas y compuestos antibióticos (Gu *et al.*, 2020). Andrew y colaboradores en 2012, estudiaron las influencias edáficas y bióticas en las comunidades microbianas de la rizósfera, asociadas con el suelo y los cactus saguaro (*Carnegiea gigantea*) y cardón (*Pachycereus pringlei*) del desierto de Sonora, utilizando pirosecuenciación multiplexada del gen 16S de ARNr.

La región de Tierra Caliente en Michoacán es una zona desértica aún sin explorar en territorio mexicano, por lo que se desconoce por completo sobre el microbioma de su suelo, mientras que el microbioma de suelo desprovisto de vegetación del Desierto de Sonora, tampoco se ha analizado mediante técnicas metagenómicas para investigar sobre su diversidad, lo cual representan una oportunidad de estudio.

Las regiones áridas a nivel mundial siguen aumentando su extensión, debido al cambio en el uso de suelo en estos ambientes, por lo que muchos de los estudios en desiertos mexicanos, se han centrado en la comunidad microbiana del suelo; tanto aquella asociada a la vegetación (Chen *et*

al., 2020) como a los cambios en la diversidad bacteriana del suelo como consecuencia del uso de la tierra agrícola en estos ecosistemas áridos (Ding *et al.*, 2013).

Tabla 1. Microbioma en regiones desérticas de todo el mundo. Principales grupos taxonómicos encontrados.

Fotografías	Desiertos	Principales grupos taxonómicos	Autor/es	Tipo de secuenciación
	Namib, Sudáfrica	Actinobacteriota: <i>Rubrobacter</i> , <i>Arthrobacter</i> y <i>Streptomyces</i> / Firmicutes, Bacteroidota, Planctomycetota, Chloroflexi y delta-Proteobacteria.	Makhalanyane <i>et al.</i> , 2013, Armstrong <i>et al.</i> , 2016 / Prestel <i>et al.</i> , 2008	Amplicon 16S
	Taklamakan, China	Bacteroidota: <i>Pontibacter</i> .	Cao <i>et al.</i> , 2014	Amplicon 16S
	Meseta de Loes, China	Actinobacteriota, Proteobacteria, Chloroflexi, Acidobacteriota y Planctomycetota.	Liu <i>et al.</i> , 2018	Amplicon 16S
	Atacama, Chile	Actinobacteriota, Proteobacteria y Firmicutes / Cianobacterias, Actinobacteriota, Alfa- proteobacteria, Gemmatimonadota.	Connon <i>et al.</i> , 2007 / Lacap <i>et al.</i> , 2011	Amplicon 16S
	Kutch, India	Proteobacteria, Euryarchaeota, Bacteroidota, Firmicutes, Actinobacteriota y Cyanobacteria.	Pandit <i>et al.</i> , 2014	Metagenoma
	Ártico canadiense y Antártida.	Cianobacterias, Acidobacteriota, Actinobacteriota, Bacteroidota y Proteobacteria.	Lacap <i>et al.</i> , 2017	Amplicon 16S
	Tataouine, Tunisia	Actinobacteriota, Firmicutes, Proteobacteria, Acidobacteriota, Crenarchaeota.	Chanal <i>et al.</i> , 2006	Amplicon 16S

	Kazajastán	Proteobacterias, Firmicutes, Actinobacteriotas, Acidobacteriota, Verrucomicrobia, y Bacterioidota.	Kutovaya <i>et al.</i> , 2014	Amplicon 16S
	Desierto de Tengger, China	Actinobacteriota, Proteobacteria, Acidobacteriota, Planctomycetota, Bacterioidota, Firmicutes, y Gemmatimonadota.	Li <i>et al.</i> , 2020	Metagenoma
	Desierto de Atacama	Actinobacteriota, Chloroflexi, Proteobacteria, Bacteroidetes, Acidobacteriota, Planctomycetes, Gemmatimonadetes, Firmicutes, Verrucomicrobia.	Shen, <i>et al</i> 2021	Amplicon 16S y cultivo después de un evento de lluvia
	Desierto de Negev, Israel	Cyanobacteria: <i>Chroococciopsis</i> .	Billi <i>et al</i> 2001	Estudios de tolerancia a la desecación
	Desierto de Sonora, México	Representantes de 9 Filos: Cyanobacteria, Proteobacteria, Actinobacteriota Acidobacteriota. Bacterioidota, Chloroflexi, Gemmatimonadetes Deinococci y Crenarcheota.	Nagy <i>et al</i> , 2005	Amplicon 16S de costras biológicas del suelo
	Rann de Kutch, Gujarat, India	Firmicutes, Proteobacteria y Actinobacteriota, Bacterioidota, Chloroflexi, Acidobacteriota, Planctomycetota, Cyanobacteria, Nitrospirota, Verrucomicrobia y Gemmatimonadota. Un total de 1,802 especies.	Patel <i>et al.</i> , 2015	Metagenoma
	Una, Gujarat India	Bacterias 99 OTUs: Actinobacteriota, Firmicutes y Proteobacteria. Arqueas 29 OTUs pertenecientes a familia Halobacteraceae.	Keshri <i>et al.</i> , 2012	Amplicon 16S

Campo geotérmico Los Azufres, Michoacán

Algunos de los primeros estudios microbianos en el campo geotérmico de LA, se enfocaron en estudiar las bacterias implicadas en los procesos de corrosión de tuberías, empleadas en las plantas geotérmicas. Bacterias de géneros como *Burkholderia* (Castorena *et al.*, 2006) *Desulfotomaculum*, *Desulfovibrio* y *Thermodesulfobacterium* (Torres-Sanchez *et al.*, 1996) fueron identificadas por medio de métodos bacteriológicos tradicionales.

También se han llevado a cabo estudios independientes de técnicas de cultivo, para conocer la diversidad microbiana presente en el campo geotérmico de LA. Brito y colaboradores en 2014 detectaron una diversidad limitada de comunidades bacterianas en muestras de lodos ácidos de LA. En este trabajo se amplificaron genes ribosomales 16S de ARNr de bacterias y las muestras fueron colectadas de un sitio que es utilizado como spa natural para turistas, encontrando bacterias de los géneros *Rhodobacter*, *Acidithiobacillus*, *Lyzobacter*, *Thermodesulfobium*, *Desulfurella*, *Thiomonas* y *Thermodesulfobium*.

En estudios más recientes, Servín-Garcidueñas y Martínez Romero en 2015, exploraron la diversidad genómica de bacterias y arqueas de seis sitios termales de bajo impacto humano, reportando bacterias de los filos Proteobacteria Actinobacteriota, Nitrospirota y Firmicutes, principalmente, así como arqueas del filo Micrarchaeota.

Del mismo grupo de trabajo Marín-Paredes y colaboradores en 2020, encontraron poblaciones de arqueas sulfolobales de los géneros *Suifolobus*, *Acidianus* y *Candidatus Aramenus*, de un metagenoma de sedimentos fotosintéticos en el campo geotérmico LA, así como genes implicados en el metabolismo del Azufre y fijación de carbono en el genoma del arquea designada como *Candidatus Aramenus sulfurataquae*.

Como antecedentes directos a este estudio, en el Laboratorio de Microbiómica de la ENES-Morelia, se han estudiado dos regiones específicas, Manantiales de Marítaro y una zona de Fumarolas del campo geotérmico de LA, y logrado identificar bacterias termoacidófilas de los géneros *Leptospirillum*, *Alicyclobacillus* y *Sulfobacillus* mediante la asignación taxonómica de genes ribosomales (Marín-Paredes & Servín-Garcidueñas, 2020), así como bacterias de los géneros: *Acidithiobacillus*, *Mycobacterium*, *Acidimicrobium*, *Conexibacter*, *Streptomyces*, *Frankia* y arqueas de los géneros: *Ferroplasma*, *Thermoplasma* y *Sulfobolus* (Bolívar-Torres, 2021) géneros bacterianos comúnmente encontrados en sitios termales con temperaturas elevadas y pH bajo (Tabla 2).

Tabla 2. Microbioma de sistemas hidrotermales continentales de todo el mundo. Principales grupos taxonómicos encontrados.

Fotografía	Sitio	°C y pH	Grupos taxonómicos	Autor/es	Análisis
	Indo-Birmania, (India)	39-46 °C, pH 8-9	Firmicutes, Chloroflexi, Proteobacteria y Deinococcota. <i>Clostridium</i> , <i>Chloroflexus</i> , <i>Meiothermus</i> , <i>Thiobacillus</i> y <i>Sulfuritalea</i>	Panda <i>et al.</i> , 2016	ARNr 16S
	Comano Terme (Italy)	27 °C HCO ₃ , Ca, Mg	Proteobacteria, Actinobacteriota Nitrospirota, Acidobacteriota, Firmicutes, Parvarchaeota y Chrenarchaeota	Pedrón <i>et al.</i> , 2019	Cultivo bacteria, Shotgun y ARNr 16S
	Bor Khlung Thailand	50-57 °C pH 6.6	Acidobacteriota, Bacteroidota, Nitrospirae, Proteobacteria, Deinococcota, Planctomycetota y Verrucomicrobiota	Kanokratana <i>et al.</i> , 2004	ARNr 16S
	Garga, Rusia	45-75 °C pH 8-9	Proteobacteria, Firmicutes, Verrucomicrobiota, Planctomycetota, Bacteroidota, Actinobacteriota y Chrenarchaeota.	Rozanov <i>et al.</i> , 2017	ARNr 16S
	Los Azufres, Michoacán	----	<i>Desulfotomaculum</i> , <i>Desulfovibrio</i> , <i>Thermodesulfobacterium</i> , <i>Burkholderia</i>	Torres-Sanchez <i>et al.</i> 1996 y Castorena <i>et al.</i> 2006	Cultivo bacteria y ARNr 16S
	Los Azufres, Michoacán	27-87 °C y pH 1-3	<i>Rhodobacter</i> , <i>Acidithiobacillus</i> , <i>Thiomonas</i> , <i>Desulfurella</i> y <i>Thermodesulfobium</i>	Brito <i>et al.</i> , 2014	ARNr 16S
	Los Azufres, Michoacán	27°C pH 3	Proteobacteria y Chlorobia. <i>Rhodoblastus</i> , <i>Methylocella</i> <i>Chlorobaculum</i> , <i>Chlorobium</i> , <i>Thiomonas</i> , <i>Desulfobacterium</i> , <i>Thermodesulfobium</i> y <i>Thermoanaerobacter</i>	Brito <i>et al.</i> , 2020	Cultivo bacteria
	Los Azufres, Michoacán	65°C y 89°C y pH 2.8 y 3.7	Proteobacteria, Actinobacteriota, Nitrospirota, Firmicutes, Euryarchaeota, Parvarchaeota, Crenarchaeota: Sulfolobales y Thermoproteales	Servín-Garcidueñas y Martínez-Romero, 2015	Shotgun
	Los Azufres, Michoacán	65°C y 89°C y pH 2.8 y 3.7	Arqueas Sulfolobales: <i>Sulfolobus</i> , <i>Acidianus brierleyi</i> y <i>Candidatus Aramenus sulfurataquae</i> Thermoplasmatales: <i>Cuniculiplasma divulgatum</i> y <i>Ferroplasma acidiarmanus</i>	Marín-Paredes, R. y Servín-Garcidueñas, L. E. (2020)	Shotgun
	Los Azufres, Michoacán	65°C y 89°C y pH 2.8 y 3.7	Firmicutes, Actinobacteriota, Proteobacteria, Bacteroidota, Acidobacteriota y Nitrospirota. Chrenarchaeota y Euryarchaeota <i>Candidatus Acidibrevibacterium</i>	Bolívar-Torres H. H. y Servín-Garcidueñas L. E. (2021)	Shotgun

Aplicaciones de los microorganismos extremófilos

Debido a que los entornos extremos, comprenden una gran fracción de la superficie de la Tierra (Doerner, 2020), la vida en ambientes extremos es un nuevo campo de investigación dedicado a estudiar la biodiversidad del planeta y los mecanismos de supervivencia de estos organismos. Este ámbito de estudio ha suscitado mucho interés debido a sus posibles aplicaciones industriales, y sus hallazgos se emplean para fundamentar proyectos de exploración de otros planetas de nuestro sistema solar y para interpretar los datos procedentes de los mismos (European Union, 2011).

En la búsqueda de biocatalizadores con mayor actividad y/o estabilidad para su uso en procesos industriales específicos, existen algunos hallazgos importantes que se han realizado como los de las ADN polimerasas termoestables, utilizadas en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) (Ishino e Ishino, 2014), varias enzimas utilizadas en el proceso de la elaboración de biocombustibles (Barnard *et al.*, 2010), organismos utilizados en el proceso minero (Johnson, 2014) y carotenoides utilizados en la industria alimentaria y cosmética (Oren, 2010).

Otras de las posibles aplicaciones de estos metabolitos, incluyen la elaboración de leche sin lactosa; la producción de antibióticos, anticancerosos y antifúngicos; y la producción de electricidad o, más exactamente, la lixiviación de electrones para generar corriente que se puede utilizar o almacenar (Dopson y Sleutels, 2016).

Por otro lado, los extremófilos se han convertido en un campo de investigación cada vez más importante dentro de la astrobiología, ciencia que intenta explicar el origen, la evolución y el futuro de la vida en el Universo, pues la existencia de microorganismos en ambientes extremos ha permitido ampliar continuamente el conocimiento de los límites de la vida (Pikuta *et al.* 2007). Otra razón de esto es que se consideran análogos relevantes de la vida extraterrestre que puede existir dentro del Sistema Solar (Martin y McMinn 2018). Además, el conocimiento de su aparición, adaptabilidad y limitaciones parece proporcionar una pauta para la búsqueda de vida extraterrestre, ya que algunos extremófilos pueden sobrevivir en condiciones de ambientes tan extremos, se ha conjeturado cada vez más que algunos extremófilos terrestres probablemente podrían sobrevivir en otros planetas y cuerpos celestes como Marte, Europa y Encelado (Von Hegner, 2020).

3. JUSTIFICACIÓN

En México hay muchas regiones áridas de las que aún no se han estudiado las comunidades bacterianas del suelo. La reserva Zicuirán-Infiernillo en TC y La Reserva de la Biosfera El Pinacate y Gran Desierto de Altar, Sonora representan la posibilidad de explorar las regiones áridas del país. La diversidad de las comunidades microbianas de suelos áridos desprovisto de vegetación de estas dos regiones no ha sido estudiada aún mediante secuenciación masiva de marcadores moleculares, por lo que el presente proyecto tiene el propósito de investigar la diversidad de comunidades bacterianas que habitan en muestras de suelo de estas dos distintas zonas desérticas.

Actualmente se han estudiado comunidades microbianas de LA por medio de métodos convencionales de cultivo, asignación taxonómica *in silico* de genes ribosomales y análisis metagenómicos, sin embargo, en comparación con estos enfoques, la secuenciación de amplicones 16S tiene una mayor determinación taxonómica (Espinosa-Asuar *et al.*, 2014), por lo que este enfoque, podría complementar la información taxonómica obtenida hasta ahora en estas regiones; pues permiten una caracterización minuciosa de la diversidad y abundancia de grupos taxonómicos con precisión filogenética (Huse *et al.*, 2008).

4. HIPÓTESIS

Tierra Caliente, Michoacán y el Gran Desierto de Altar, Sonora

El agua es considerada uno de los requisitos indispensables para la vida, por lo que las condiciones de temperaturas extremas y baja humedad suponen una presión de selección que puede afectar también a las comunidades microbianas. Bajo estas condiciones, la diversidad microbiana en las regiones áridas estudiadas estará limitada a bacterias conocidas por ser capaces de resistir a la sequía, altas temperaturas y radiación solar de ambientes desérticos en todo el mundo.

Campo geotérmico Los Azufres, Michoacán

Las condiciones de los ambientes extremos, generan una presión de selección que afecta también a las comunidades microbianas. Bajo estas condiciones presentes en los dos distintos ambientes estudiados en el presente trabajo, la diversidad bacteriana estará limitada a aquellas bacterias conocidas, capaces de resistir condiciones de bajo pH y altas temperaturas, en las aguas termales de la región de MM, y de BT en el campo geotérmico de LA.

5. OBJETIVOS

Objetivo general

Analizar la diversidad de bacterias presentes en sedimentos desérticos de Tierra Caliente, Michoacán y de la Reserva del Pinacate y Gran Desierto de Altar, Sonora, a través de la secuenciación masiva de genes ribosomales ARNr 16S y el uso de técnicas bioinformáticas.

Objetivos específicos:

- Analizar la composición taxonómica y filogenética, de las comunidades bacterianas presentes en el suelo de Tierra Caliente, Michoacán, y de la Reserva del Pinacate y Gran Desierto de Altar, Sonora utilizando las secuencias de amplicones de genes ribosomales 16S de las regiones V3- V4.
- Realizar un análisis de diversidad alfa y beta de las comunidades bacterianas presentes en los dos distintos ambientes desérticos.
- Comparar la abundancia bacteriana diferencial entre ambos desiertos.

Objetivos adicionales:

- Analizar la diversidad de bacterias presentes en sedimentos termales colectados del campo geotérmico de Los Azufres, Michoacán, a través de la secuenciación de amplicones de genes ribosomales 16S y el uso de técnicas bioinformáticas.
 - Analizar la composición taxonómica y filogenética de las comunidades bacterianas presentes en los dos distintos tipo de muestra, de Los Azufres, Michoacán: la región de Los Balnearios y los Manantiales de Marítaro, utilizando las secuencias de amplicones de genes ribosomales 16S de las regiones V3- V4.
 - Realizar un análisis de diversidad alfa y beta de las comunidades bacterianas presentes en los dos tipos de muestras.
 - Comparar la abundancia bacteriana diferencial entre ambas muestras.

6. MATERIALES Y MÉTODOS

Tierra Caliente, Michoacán y el Gran Desierto de Altar, Sonora

Colecta de muestra de sedimento de Tierra Caliente, Michoacán

La colecta de sedimento desértico se llevó a cabo en la reserva Zicuirán infiernillo, en la región de TC (Figura 3), el 3 de octubre del 2021 a las 3:15 pm, en las coordenadas: 18° 46' 30'' N 102° 0'52'' O. Las condiciones al momento del muestreo fueron: una temperatura ambiental de 35 °C con una sensación térmica de 42 °C, una humedad del 50% y un Índice UV 9 de 10.

Para la colecta se utilizó una pequeña pala desinfectada y flameada, guantes estériles y cubrebocas. Las muestras se guardaron en tubos Falcón estériles de 50 ml (Figura 4). Cabe mencionar también que las muestras de sedimentos no tenían presencia de plantas.

Colecta de muestra de sedimento del Desierto de Altar, Sonora

Se llevó a cabo la colecta de dos tipos de sedimento, tres muestras de una región de CS y tres muestras de la región de DA del desierto (Figura 5). Las muestras de CS fueron colectadas el 30 de enero del 2022 a las 17:45 en las coordenadas: 31°31'40''N 113°40'27''O, a una altitud de 10 msnm y una temperatura ambiental y de muestra durante colecta de 15 °C temperatura máxima y mínima del día de 22°C y 7°C respectivamente, así como un índice UV de 4. Las muestras de arena de las dunas, fueron tomadas el 31 de enero del 2022 a las 13:48 horas en las coordenadas: 31°34'24''N 113°30'58''O y una altitud de 170 msnm, una temperatura ambiental y de muestra durante la colecta de 22 °C, una temperatura máxima y mínima del día de 23°C y 6°C, respectivamente, así como un índice UV de 4 (Tabla 3).

Tabla 3. Parámetros fisicoquímicos al momento del muestreo para cada región desértica.

Muestras	Temperatura ambiental	Humedad	Altitud (msnm)	Sensación térmica	Índice UV (1-10)
TC	35°C	50%	184	42°C	9
DA	22°C		170		4
CS	15C		10		4



Figura 3. Mapa del sitio de muestreo. Reserva de la Biósfera “Zicuirán Infiernillo” en TC.

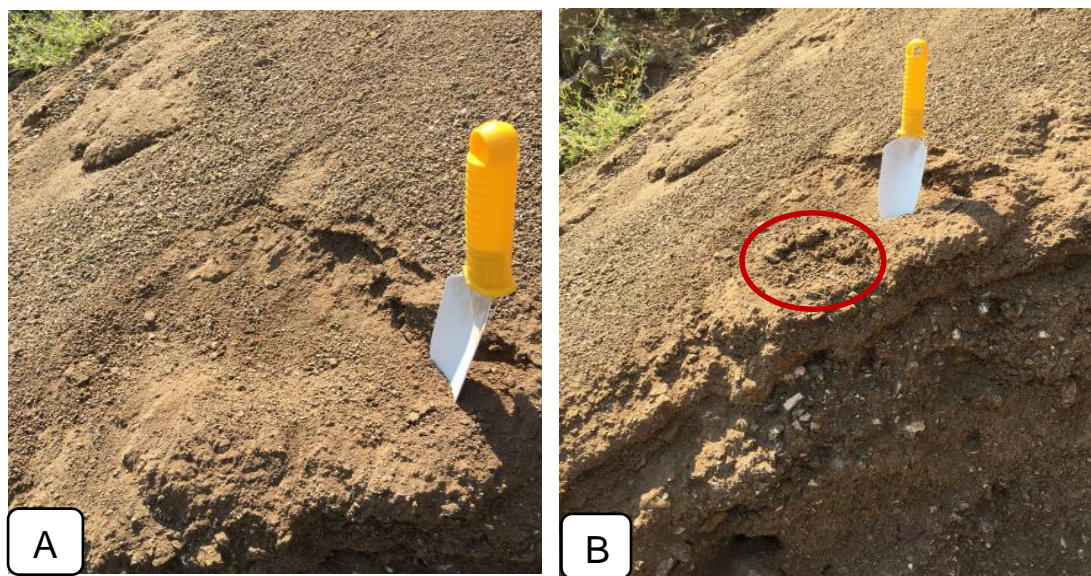


Figura 4. Sitio de muestreo de sedimento desértico de Zicuirán Infiernillo en TC. A. Imagen antes del muestreo y B. Después del muestreo. Círculo rojo encierra el sitio del cual se tomó la muestra superficial.

Extracción, purificación y secuenciación de amplicones de ARNr 16S

Para secuenciar se envió un tubo Falcón completo por muestra, que correspondía a la región más superficial (superficie a aprox. 1 cm) a la compañía MacroGen Inc., en Corea del Sur. La extracción de ADN se realizó con el kit DNeasy PowerSoil Pro (QIAGEN) siguiendo las instrucciones del fabricante. La región V3-V4 de los genes del ARNr 16S bacteriano, se amplificó utilizando los cebadores 341F (5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3') y 805R (5' GACTACHVGGGTA

TCTAATCC-3') (Herlemann *et al.*, 2011). La PCR siguió un protocolo de desnaturalización inicial a 95°C por 3 min, 25 ciclos a 95°C por 30 s, alineamiento a 55°C por 30s, y extensión a 72°C por 30s, seguido de una extensión final a 72°C durante 5 min. Los productos de PCR se purificaron con perlas AMPure XP (Beckman Coulter, Inc., Fullerton, CA, EE. UU.), se utilizó el kit Nextera XT index (Illumina) para la preparación de la biblioteca y la muestra resultante se cuantificó con el kit de ensayo Qubit ADN de doble cadena (dsDNA) (Life Technologies, EE. UU.). La secuenciación se realizó utilizando una plataforma MiSeq con un formato de extremos emparejados de 300 pb (Macrogen Co., Seúl, Corea del Sur).

De las nueve muestras que se obtuvieron y se enviaron a secuenciar, sólo tres muestras de TC, tres muestras de DA y dos muestras de CS del Desierto de Sonora pasaron los filtros de calidad y fueron secuenciadas.



Figura 5. Mapa de muestreo de las DA y CS en el Gran Desierto de Altar, Sonora.

Limpieza de secuencias y asignación de ASVs

Las lecturas se evaluaron con FastQC v.0.11.8 (con la configuración predeterminada) (Andrews, 2010) y se filtraron por calidad (puntuaciones de $\geq Q20$) y se eliminaron adaptadores con ayuda del programa Trimmomatic v0.39 (Bolger *et al.*, 2014). Las lecturas se procesaron en QIIME2 v.2022.2.1 (Caporaso *et al.*, 2014), Se utilizó el complemento q2-dada2 y el método de eliminación de ruido (8) para eliminar ruido y quimeras (Callahan *et al.*, 2016). Las secuencias representativas de ASV se asignaron taxonómicamente con los complementos q2-feature-classifier y el método classify-consensus-vsearch (Rognes *et al.*, 2016) utilizando la base de datos SILVA v.138 SSURef Nr99 (Quast *et al.*, 2013) como referencia.

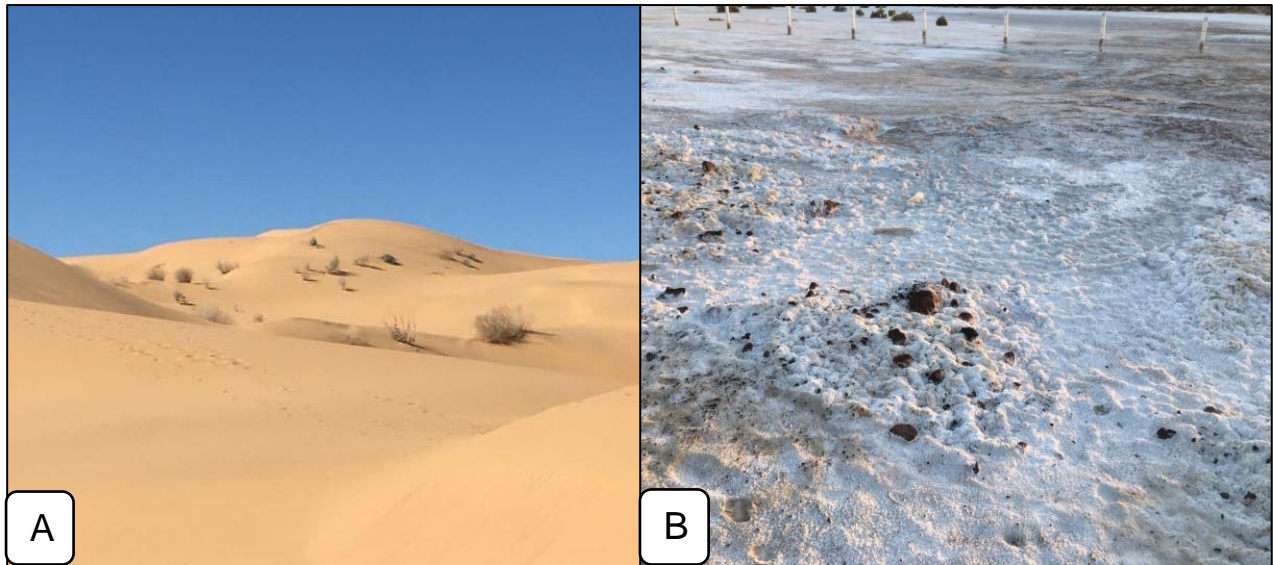


Figura 6. Sitio de muestreo de sedimento desértico del Gran Desierto de Altar, Sonora. A. Dunas de arena y B. Costras salinas.

Construcción de árbol filogenético

Posteriormente, las secuencias representativas se alinearon con el algoritmo MAFT (Kato *et al.*, 2002), y la alineación se filtró en busca de posiciones no conservadas y huecos para construir un árbol filogenético con el algoritmo Fast Tree (Price *et al.*, 2009) con 1000 Bootstrap.

Diversidad alfa y beta

Se llevaron a cabo análisis de diversidad alfa y beta entre las diferentes muestras. El análisis de diversidad alfa se llevó a cabo en un conjunto de datos enrarecido, debido a diferentes profundidades de secuenciación. La diversidad alfa, se midió con métricas de Shannon (Shannon, 1997) y Faith (Faith 1992), con el complemento Diversity de QIIME2 (Kruskal y Wallis, 1952) y la diversidad beta con el método de UNIFRAC ponderado (Lozupone *et al.*, 2007) y se mostraron a través de un diagrama PCoA 2D. UNIFRAC ponderado mide las distancias filogenéticas compartidas entre las muestras, así como las abundancias relativas.

Análisis de abundancia diferencial

También se realizó un análisis de abundancia diferencial entre las tres tipos de muestra (sitios) con el método de ANCOM (Análisis de Composición de Microbiomas) (Mandal *et al.*, 2015).

Campo geotérmico Los Azufres, Michoacán

Colecta de muestras

La colecta de muestras en el campo geotérmico de LA, se llevó a cabo en abril del 2019. Se tomaron 4 muestras de sedimentos termales, que se acumulan sobre rocas alrededor de fumarolas del campo geotérmico LA, en la zona BT (coordenadas 19.8221° N 100.6681° W a 43°C y pH 4.5) y 4 muestras más en MM (coordenadas 19.7816° N 100.6577° W a 56°C y pH 3.8) (Figura 7).

Extracción, purificación y secuenciación de amplicones de ARNr 16S

Se extrajo y purificó ADN mediante el kit comercial *PowerMax Soil Kit* (QIAGEN, Carlsbad, CA) siguiendo las instrucciones del fabricante. Las muestras de ADN ambiental se secuenciaron en la compañía Macrogen Inc., en Corea del Sur, utilizando la técnica de secuenciación de amplicones ribosomales 16S de la región v3-v4 con la plataforma de Illumina MiSeq, obteniendo lecturas pareadas de 301 pares de bases.



Figura 7. Sitios termales de LA, donde se tomaron muestras para analizar la composición bacteriana. A) Sedimentos de la zona de MM. B) Sedimentos de la zona BT.

Limpieza de secuencias y asignación de ASVs

Los datos de lecturas pareadas se analizaron para revisar sus calidades utilizando FastQC v.0.11.8 (con la configuración predeterminada) (Andrews, 2010), y se filtraron por calidad (puntuaciones de $\geq Q20$) y se eliminaron adaptadores con ayuda del programa Trimmomatic v0.39 (Bolger *et al.*, 2014).

Los datos filtrados por calidad y sin adaptadores se procesaron en QIIME2 v. 2020.2.0 (Caporaso *et al.*, 2014). Se utilizó el complemento q2-dada2 y el método de eliminación de ruido para eliminar ruido y quimeras (Callahan *et al.*, 2016). Las secuencias representativas de ASV se asignaron taxonómicamente con los complementos q2-feature-classifier y el método classify-consensus-vsearch (Rognes *et al.*, 2016) utilizando la base de datos SILVA v.138 SSURef Nr99 (Quast *et al.*, 2013) como referencia.

Construcción de árbol filogenético

Posteriormente, las secuencias representativas se alinearon con el algoritmo MAFT (Kato *et al.*, 2002) y la alineación se filtró en busca de posiciones no conservadas y gaps para construir un árbol filogenético con el algoritmo Fast Tree (Price *et al.*, 2009) con 1000 Bootstrap.

Análisis de diversidad alfa y beta

Se llevaron a cabo análisis de diversidad alfa y beta entre las diferentes muestras. El análisis de diversidad alfa se llevó a cabo en un conjunto de datos enrarecido, debido a diferentes profundidades de secuenciación. La diversidad alfa, se midió con métricas de Shannon (Shannon, 1997) y Faith (Faith 1992), con el complemento Diversity de QIIME2 y la diversidad beta con el método de UNIFRAC ponderado (Lozupone *et al.*, 2007) y se mostraron a través de un diagrama PCoA 2D. UNIFRAC ponderado mide las distancias filogenéticas compartidas entre las muestras, así como las abundancias relativas.

Análisis de abundancia diferencial

También se realizó un análisis de abundancia diferencial entre las dos tipos de muestra (sitios) con el método de ANCOM (Análisis de Composición de Microbiomas) (Mandal *et al.*, 2015), y se mostró a través de un mapa interactivo de Volcán.

7. RESULTADOS

Tierra Caliente, Michoacán

Identificación taxonómica

La asignación taxonómica mostró la presencia de los dominios Arquea y Bacteria, con un evidente predominio de Bacteria. Las bacterias predominantes pertenecieron a los filos Actinobacteriota, Proteobacteria, Chloroflexi, Acidobacteriota y Firmicutes, mientras que, las arqueas identificadas fueron pertenecientes a los filos Thermoplasmatota y Chrenarchaeota (Figura 8). Una lectura de las muestras de TC no fue asignada a ningún grupo taxonómico.

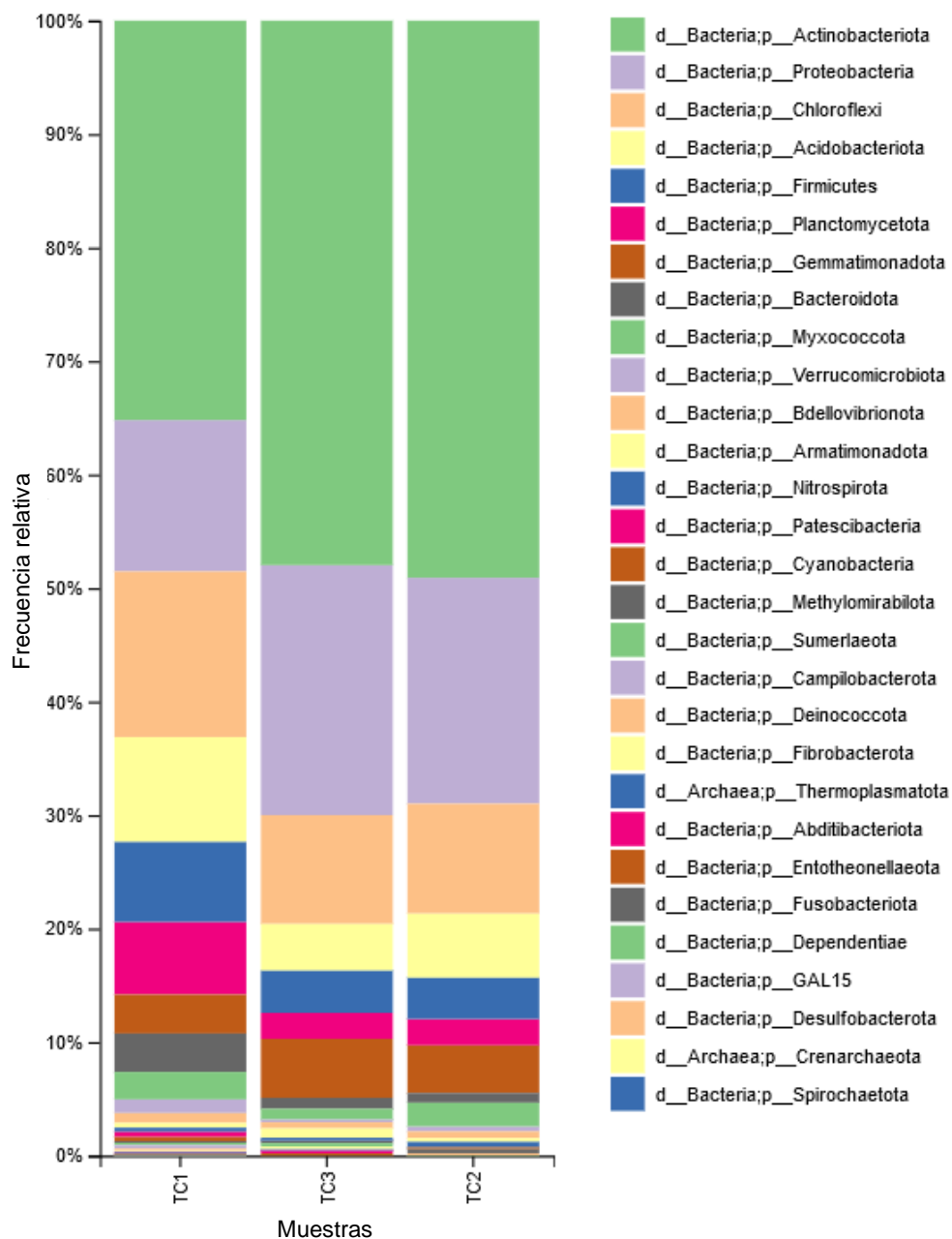


Figura 8. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de filo, encontradas en las muestras de sedimento desnudo de Zicuirán Infiernillo en TC.

A nivel de clase, la mayor abundancia correspondió a la Clase Thermoleophilia, Alphaproteobacteria, Actinobacteriota, Chloroflexia, Rubrobacteria, Bacilli y Acidimicrobiia (Datos no mostrados).

Fueron identificados un total de 199 géneros distintos pertenecientes a 38 Clases encontradas en la muestra de sedimento de TC (Tabla 4).

Tabla 4. Identificaciones taxonómicas a nivel de género de bacterias encontradas en TC. En orden de mayor a menor abundancia. Las dos únicas identificaciones de arqueas, están subrayadas en azul.

Dominio	Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Secuencias
Bacteria	Actinobacteriota	Rubrobacteria	Rubrobacterales	Rubrobacteriaceae	<i>Rubrobacter</i>	9431
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Microvirga</i>	3553
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	<i>Solirubrobacter</i>	2796
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	1961
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Geodermatophilaceae	<i>Geodermatophilus</i>	1855
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Sphingomonas</i>	1604
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus</i>	1580
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Streptomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>	1483
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardaceae	<i>Pseudonocardia</i>	1302
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Bryobacterales	Bryobacteraceae	<i>Bryobacter</i>	1068
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Craurococcus</i>	1012
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacterales	Nocardoidaceae	<i>Nocardoides</i>	980
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Rubellimicrobium</i>	962
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	<i>Conexibacter</i>	935
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Ammoniphilus</i>	752
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Geodermatophilaceae	<i>Blastococcus</i>	693
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	<i>Gaiella</i>	684
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	<i>Flavisolibacter</i>	633
Bacteria	Gemmatimonadota	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales	Gemmatimonadaceae	<i>Roseisolibacter</i>	623
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Ramlibacter</i>	558
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardaceae	<i>Prauserella</i>	538
Bacteria	Nitrospirota	Nitrospira	Nitrospirales	Nitrospiraceae	<i>Nitrospira</i>	447
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Noviherbaspirillum</i>	446
Bacteria	Planctomycetota	Planctomycetes	Pirellulales	Pirellulaceae	<i>Pirellula</i>	425
Bacteria	Planctomycetota	Planctomycetes	Gemmatales	Gemmataceae	<i>Gemmata</i>	420
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Domibacillus</i>	408
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Kocuria</i>	387
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Azospirillales	Inquilinaceae	<i>Inquilinus</i>	384
Bacteria	Myxococcota	Polyangia	Haliangiales	Haliangiaceae	<i>Haliangium</i>	380
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Actinoplanes</i>	372
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacterales	Mycobacteriaceae	<i>Mycobacterium</i>	310
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Asanoa</i>	297
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Tistrellales	Geminococcaceae	<i>Ca. Alysiosphaera</i>	295
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Streptosporangiales	Streptosporangiaceae	<i>Nonomuraea</i>	281
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Brevibacillales	Brevibacillaceae	<i>Brevibacillus</i>	277
Bacteria	Gemmatimonadota	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales	Gemmatimonadaceae	<i>Gemmatimonas</i>	274
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Streptosporangiales	Thermomonosporaceae	<i>Actinomadura</i>	272
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	<i>Parviterribacter</i>	272
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	<i>Limnobacter</i>	264
Bacteria	Bdellovibrionota	Bdellovibrionia	Bdellovibrionales	Bdellovibrionaceae	<i>Bdellovibrio</i>	261
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Luedemannella</i>	255
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Steroidobacterales	Steroidobacteraceae	<i>Steroidobacter</i>	253
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	<i>Phenylbacterium</i>	250
Bacteria	Planctomycetota	Planctomycetes	Gemmatales	Gemmataceae	<i>Fimbrioglobus</i>	246
Bacteria	Sumerlaeota	Sumerlaeia	Sumerlaeales	Sumerlaeaceae	<i>Sumerlaea</i>	226
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Geodermatophilaceae	<i>Modestobacter</i>	223
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Gammaproteobacteria	Unknown Family	<i>Acidibacter</i>	206
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiales	<i>Nordella</i>	205

Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Marinococcaceae	<i>Alteribacillus</i>	196
Bacteria	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	Chthoniobacteriales	Chthoniobacteraceae	<i>Chthoniobacter</i>	194
Bacteria	Cyanobacteria	Sericytochromatia	Sericytochromatia	Sericytochromatia	<i>Sericytochromatia</i>	187
Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexia	Chloroflexales	Herpetosiphonaceae	<i>Herpetosiphon</i>	184
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Bosea</i>	183
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Propionibacteriaceae	<i>Microclunatus</i>	178
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Dactylosporangium</i>	167
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardaceae	<i>Saccharopolyspora</i>	166
Bacteria	Deinococcota	Deinococci	Deinococcales	Deinococcaceae	<i>Deinococcus</i>	161
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Sphingosaurantiacus</i>	161
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Staphylococcales	Staphylococcaceae	<i>Staphylococcus</i>	156
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	155
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Massilia</i>	153
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Frankiaceae	<i>Frankia</i>	151
Bacteria	Myxococcota	Polyangia	Polyangiales	Polyangiaceae	<i>Pajaroellobacter</i>	144
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Cellulomonadaceae	<i>Cellulomonas</i>	141
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Azospirillales	Azospirillaceae	<i>Skermanella</i>	137
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Defluviococcales	Defluviococcaceae	<i>Defluviococcus</i>	136
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Novosphingobium</i>	136
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardaceae	<i>Lechevaleria</i>	133
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	<i>Segetibacter</i>	130
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Adhaeribacter</i>	128
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Pseudarthrobacter</i>	125
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Micromonospora</i>	124
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Phytohabitans</i>	122
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Lysinibacillus</i>	120
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Salinarimonas</i>	118
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Nakamurellaceae	<i>Nakamurella</i>	113
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	<i>Cnuella</i>	112
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardaceae	<i>Actinophytocola</i>	109
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Kineosporiales	Kineosporiaceae	<i>Angustibacter</i>	109
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	<i>Pedomicrobium</i>	108
Archaea	Thermoplasmatota	Thermoplasmata	Marine Group II	Marine Group II	<i>Marine Group II</i>	106
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Altererythrobacter</i>	105
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Nocardoidaceae	<i>Kribbella</i>	102
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Sporichthyaceae	<i>Sporichthya</i>	101
Bacteria	Abditibacteriota	Abditibacteria	Abditibacteriales	Abditibacteriaceae	<i>Abditibacterium</i>	99
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	<i>Flavitalea</i>	95
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	<i>Ensifer</i>	88
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardaceae	<i>Kibdelosporangium</i>	88
Bacteria	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Arcobacteraceae	<i>Malaciobacter</i>	86
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Streptosporangiales	Streptosporangiaceae	<i>Microbispora</i>	86
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Pelomonas</i>	84
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Cohnella</i>	83
Bacteria	Acidobacteriota	Blastocatellia	Blastocatellales	Blastocatellaceae	<i>Blastocatella</i>	81
Bacteria	Actinobacteriota	Acidimicrobiia	Microtrichales	Iamiaceae	<i>Iamia</i>	81
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Plantactinospora</i>	79
Bacteria	Myxococcota	Polyangia	Polyangiales	Polyangiaceae	<i>Sorangium</i>	79
Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexia	Thermomicrobiales	Thermomicrobiaceae	<i>Sphaerobacter</i>	79
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia</i>	78
Bacteria	Bdellovibrionota	Oligoflexia	Oligoflexales	Oligoflexales	<i>Oligoflexus</i>	78
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Puniceispirillales	Puniceispirillales	<i>Constrictibacter</i>	77

Bacteria	Fibrobacterota	Fibrobacteria	Fibrobacterales	Fibrobacteraceae	<i>Fibrobacter</i>	75
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Methylobacterium</i>	75
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	<i>Allorhizobium</i>	71
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Devosiaceae	<i>Devosia</i>	71
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Azohydromonas</i>	68
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	<i>Lysobacter</i>	68
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	<i>Bradyrhizobium</i>	67
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Rhodanobacteraceae	<i>Rhodanobacter</i>	67
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Intrasporangiaceae	<i>Janibacter</i>	66
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Alicyclobacillales	Alicyclobacillaceae	<i>Tumebacillus</i>	66
Bacteria	Acidobacteriota	Blastocatellia	Blastocatellales	Blastocatellaceae	<i>Aridibacter</i>	65
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	64
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	<i>Pseudolabrys</i>	63
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	<i>Rhodoplanes</i>	63
Bacteria	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacterales	Sulfurimonadaceae	<i>Sulfurimonas</i>	62
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardiaceae	<i>Amycolatopsis</i>	58
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacteriales	Nocardiaceae	<i>Nocardia</i>	57
Bacteria	Acidobacteriota	Blastocatellia	Blastocatellales	Blastocatellaceae	<i>Stenotrophobacter</i>	56
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Tistrellales	Geminococcaceae	<i>Geminicoccus</i>	55
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Oscillospiraceae	<i>Oscillibacter</i>	55
Bacteria	Myxococcota	Myxococcia	Myxococcales	Myxococcaceae	<i>Myxococcus</i>	52
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Propionibacteriaceae	<i>Haloactinopolyspora</i>	49
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Thermoactinomycetales	Thermoactinomycetaceae	<i>Planifilum</i>	46
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacteriales	Nocardiaceae	<i>Rhodococcus</i>	46
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Sinomonas</i>	45
Bacteria	Acidobacteriota	Vicinamibacteria	Vicinamibacterales	Vicinamibacteraceae	<i>Luteitalea</i>	43
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Streptosporangiales	Thermomonosporaceae	<i>Actinocorallia</i>	42
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Gammaproteobacteria	Unknown Family	<i>Ca. Ovatusbacter</i>	42
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	42
Bacteria	Bdellovibrionota	Bdellovibrionia	Bacteriovoracales	Bacteriovoracaceae	<i>Peredibacter</i>	41
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacteriales	Corynebacteriaceae	<i>Corynebacterium</i>	38
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Rhizobacter</i>	38
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	<i>Burkholderia</i>	36
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Alcaligenaceae	<i>Parapusillimonas</i>	36
Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexia	Chloroflexales	Roseiflexaceae	<i>Roseiflexus</i>	36
Bacteria	Acidobacteriota	Vicinamibacteria	Vicinamibacterales	Vicinamibacteraceae	<i>Vicinamibacter</i>	36
Bacteria	Cyanobacteria	Cyanobacteriia	Cyanobacteriales	Chroococcidiopsaceae	<i>Crinalium</i>	35
Bacteria	Gemmatimonadota	Longimicrobia	Longimicrobiales	Longimicrobiaceae	<i>Longimicrobium</i>	35
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Streptosporangiales	Streptosporangiaceae	<i>Sphaerisporangium</i>	34
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	<i>Brevundimonas</i>	33
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Koribacteraceae	<i>Ca. Koribacter</i>	31
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Streptosporangiales	Streptosporangiaceae	<i>Planomonospora</i>	30
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	<i>Puia</i>	30
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Diplorickettsiales	Diplorickettsiaceae	<i>Aquicella</i>	29
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	<i>Cupriavidus</i>	29
Bacteria	Fusobacteriota	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	29
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	<i>Lautropia</i>	29
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Microscillaceae	<i>Ohtaekwangia</i>	29
Bacteria	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	Opitutales	Opitutaceae	<i>Opitutus</i>	28
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardiaceae	<i>Saccharothrix</i>	28
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	27
Bacteria	Myxococcota	Polyangia	Polyangiales	Sandaracinaceae	<i>Sandaracinus</i>	27

Bacteria	Dependentiae	Babeliae	Babeliales	Babeliales	<i>Babeliales</i>	26
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Alloprevotella</i>	24
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	24
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	<i>Stenotrophomonas</i>	23
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	<i>Actinopolymorpha</i>	21
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Micrococcus</i>	21
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Dongiiales	Dongiaceae	<i>Dongia</i>	20
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	<i>Herbinix</i>	19
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridia	Gracilbacteraceae	<i>Lutispora</i>	19
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Kineosporiales	Kineosporiaceae	<i>Quadrisphaera</i>	19
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Cytophagaceae	<i>Rhodocytophaga</i>	19
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Roseomonas</i>	19
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardiaceae	<i>Actinomycetospora</i>	18
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	<i>Blastochloris</i>	18
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Propionibacteriaceae	<i>Jiangella</i>	18
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Rhodovarius</i>	18
Bacteria	Cyanobacteria	Cyanobacteriia	Cyanobacteriales	Chroococcidiopsaceae	<i>Chroococcidiopsis</i>	17
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Alicyclobacillales	Alicyclobacillaceae	<i>Effusibacillus</i>	17
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Verrucosispora</i>	17
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Azospirillales	Azospirillaceae	<i>Azospirillum</i>	16
Bacteria	Deinococcota	Deinococci	Deinococcales	Trueperaceae	<i>Truepera</i>	16
Bacteria	Chloroflexi	Anaerolineae	Anaerolineales	Anaerolineaceae	<i>Anaerolinea</i>	15
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Salinisphaerales	Solimonadaceae	<i>Polycyclovorans</i>	15
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	<i>Aeromicrobium</i>	14
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhodomicrobiaceae	<i>Rhodomicrobium</i>	14
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	<i>Negativibacillus</i>	13
Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexia	Chloroflexales	Chloroflexaceae	<i>Ca. Chloroploca</i>	12
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	<i>Cellulosilyticum</i>	12
Bacteria	Desulfobacterota	Syntrophobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophobacteraceae	<i>Syntrophobacter</i>	12
Archaea	Crenarchaeota	Nitrososphaeria	Nitrososphaerales	Nitrososphaeraceae	<i>Ca. Nitrososphaera</i>	11
Bacteria	Spirochaetota	Spirochaetia	Spirochaetales	Spirochaetaceae	<i>Treponema</i>	11
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Azotobacter</i>	10
Bacteria	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Eggerthellaceae	<i>Enterorhabdus</i>	10
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	<i>Lachnoclostridium</i>	10
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Reyranellales	Reyranellaceae	<i>Reyranella</i>	10
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales	Peptostreptococcales	<i>Alkaliphilus</i>	9
Bacteria	Dadabacteria	Dadabacteriia	Dadabacteriales	Dadabacteriales	<i>Dadabacteriales</i>	9
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Pleomorphomonadaceae	<i>Prosthecomicrobium</i>	9
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardiaceae	<i>Actinopolyspora</i>	7
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Propionibacteriaceae	<i>Cutibacterium</i>	7
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	<i>Ruminococcus</i>	6
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardiaceae	<i>Kutzneria</i>	5
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Virgisporangium</i>	5
Bacteria	Cyanobacteria	Cyanobacteriia	Cyanobacteriales	Microcystaceae	<i>Microcystis</i>	4
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Paucibacter</i>	4
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiales	<i>Bauldia</i>	2
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Virgibacillus</i>	2

Dentro de los géneros más abundantes, en este estudio encontramos a *Rubrobacter* (7%), *Microvirga* (3%), *Solirubrobacter* (2.4%), *Geodermatophilus* (1.5%) y *Bacillus* (1.1%) el resto de los géneros con menos del 1% cada uno. *Porcentajes basados en abundancia general de todas las secuencias obtenidas. Sólo dos arqueas, *Marine Group II* y *Candidatus Nitrososphaera* de los phyla Thermoplasmata y Crenarchaeota, respectivamente, fueron identificadas en la muestra.

Géneros más abundantes identificados en Tierra Caliente, Michoacán

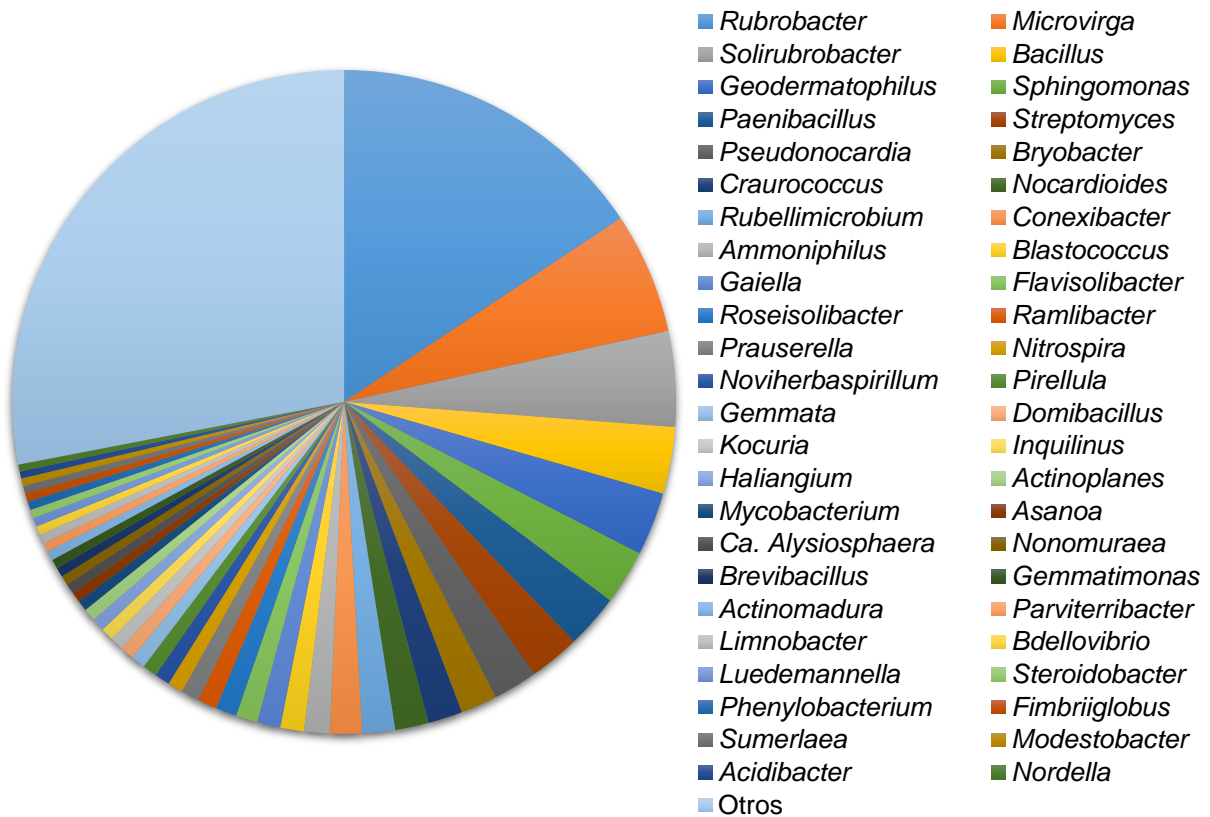


Figura 9. Gráfico circular que muestra los 48 géneros más abundantes identificados en la muestra de TC. *El porcentaje sólo incluye a las identificaciones hechas hasta nivel de género.

Únicamente 13 bacterias fueron identificadas a nivel de especie, correspondientes a los filos Firmicutes, Actinobacteriota, Proteobacteria, Cyanobacteria y Myxococcota. El género *Paenibacillus* destaca con 5 de las identificaciones: *P. mucilaginosus*, *P. ehimensis*, *P. validus*, *P. crassostreae* y *P. beijingensis* (Tabla 5).

Tabla 5. Bacterias identificadas hasta nivel de especie en TC.

Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Especie	Secuencias
Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus</i>	<i>P. mucilaginosus</i>	302
Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus</i>	<i>P. ehimensis</i>	92
Myxococcota	Polyangia	Polyangiales	Polyangiaceae	<i>Sorangium</i>	<i>S. cellulosum</i>	79
Myxococcota	Myxococcia	Myxococcales	Myxococcaceae	<i>Myxococcus</i>	<i>M. fulvus</i>	52
Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacteriales	Nocardiaceae	<i>Rhodococcus</i>	<i>R. erythropolis</i>	46
Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus</i>	<i>P. validus</i>	63
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	<i>B. subtilis</i>	50
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Massilia</i>	<i>M. oculi</i>	42
Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus</i>	<i>P. beijingensis</i>	39
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	<i>B. foraminis</i>	30
Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus</i>	<i>P. crassostreae</i>	10
Cyanobacteria	Cyanobacteriia	Cyanobacteriales	Microcystaceae	<i>Microcystis</i>	<i>M. aeruginosa</i>	4
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Virgibacillus</i>	<i>V. halodenitrificans</i>	2

Árbol filogenético

El árbol filogenético mostró una mayor diversificación de los filos Proteobacteria, Chloroflexi, Bacteroidota, grupos taxonómicos ampliamente distribuidos en ambientes áridos previamente reportados.

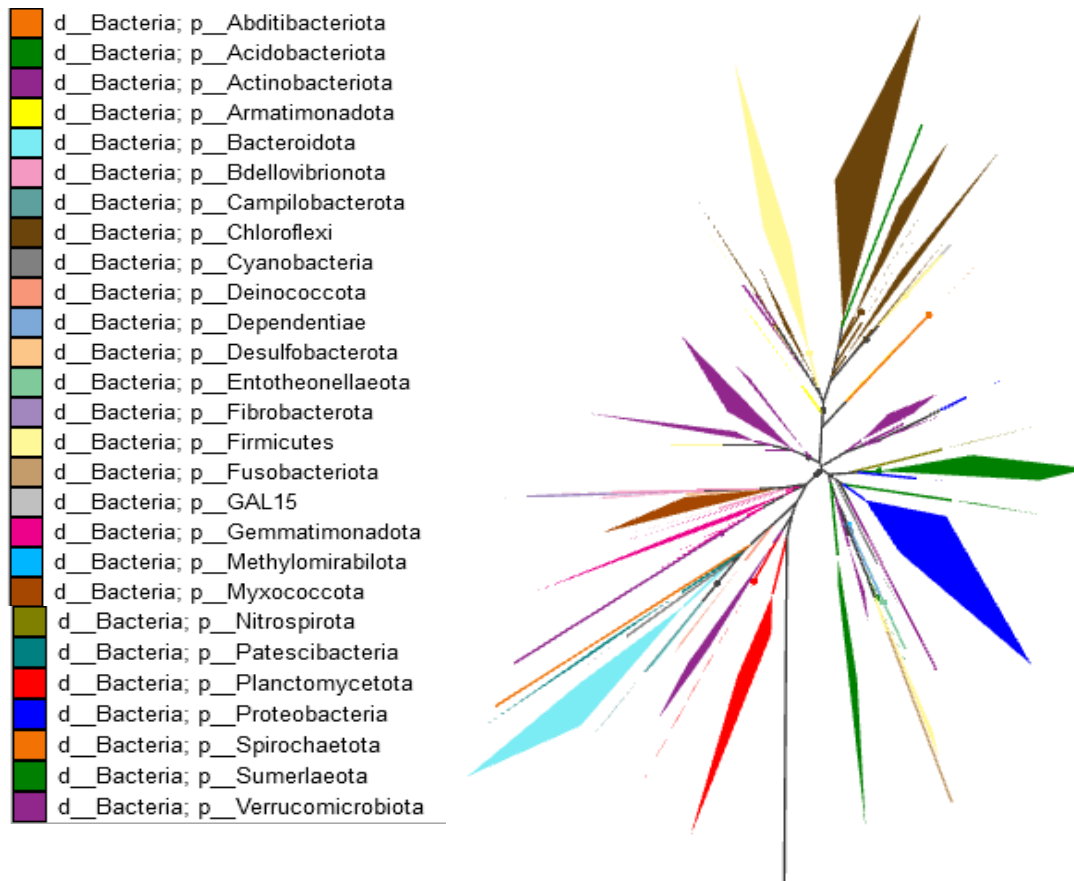


Figura 10. Árbol filogenético basado en secuencias bacterianas ribosomales 16S, de la muestra de TC, utilizando el algoritmo Fast Tree con 1000 bootstrap.

Desierto de Altar, Sonora

Identificación taxonómica

La asignación taxonómica para las muestras de DA mostró la presencia de los dominios Arquea y Bacteria, con un evidente predominio de Bacteria. Las bacterias dominantes pertenecieron a los filos Actinobacteriota, Proteobacteria, Bacteroidota, Firmicutes y Chloroflexi mientras que las Arqueas identificadas fueron pertenecientes al filo Thermoplasmatota (Figura 9). Una lectura de las muestras de DA no fue asignada a ningún grupo taxonómico.

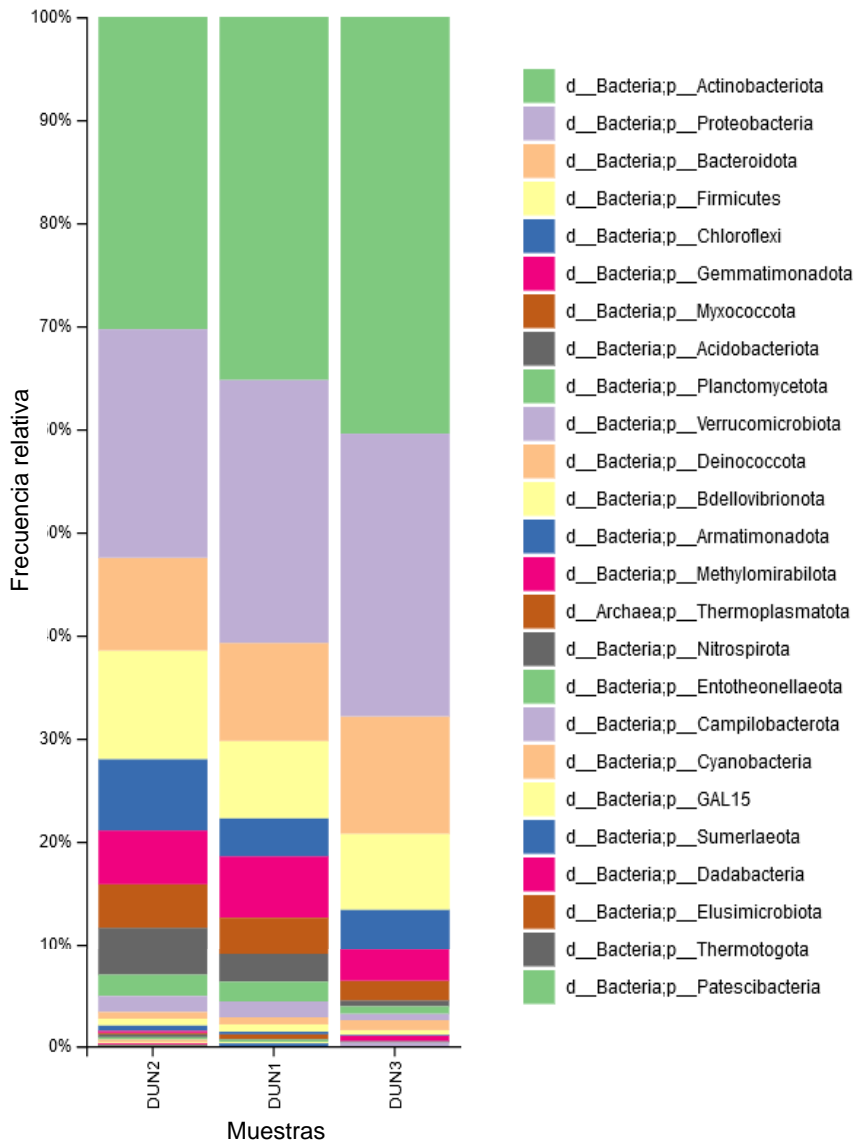


Figura 11. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de filo, encontradas en la muestra de sedimento de las DA del desierto de Altar, Sonora.

A nivel de clase, la mayor abundancia correspondió a la Clase Actinobacteriota, Gammaproteobacteria, Bacteroidia, Alphaproteobacteria, Bacilli, Thermoleophilia, Chloroflexia, Acidimicrobiia y Longimicrobia (datos no mostrados).

A nivel de género, fueron identificados 103, dentro de los que destacan *Arthrobacter*, *Noviherbaspirillum*, *Massilia*, *Micrococcus*, *Adhaeribacter*, *Flavisolibacter* y *Nocardioides* con la mayor cantidad de secuencias (tabla 6).

Tabla 6. Géneros de bacterias identificados en las DA del Gran Desierto de Altar, Sonora. Las arqueas están subrayadas en azul.

Dominio	Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Secuencias
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Arthrobacter</i>	5395
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Noviherbaspirillum</i>	3517
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Massilia</i>	3275
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Micrococcus</i>	2790
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Adhaeribacter</i>	2654
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	<i>Flavisolibacter</i>	2109
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Nocardioideaceae	<i>Nocardioides</i>	2062
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	1861
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Ramlibacter</i>	1507
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Pseudarthrobacter</i>	1480
Bacteria	Gemmatimonadota	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales	Gemmatimonadaceae	<i>Roseisolibacter</i>	1266
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Domibacillus</i>	1122
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Geodermatophilaceae	<i>Blastococcus</i>	1114
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Rubellimicrobium</i>	1072
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardiaceae	<i>Prauserella</i>	995
Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexia	Chloroflexales	Herpetosiphonaceae	<i>Herpetosiphon</i>	984
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Aquabacterium</i>	919
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Cellulomonadaceae	<i>Cellulomonas</i>	905
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Geodermatophilaceae	<i>Geodermatophilus</i>	878
Bacteria	Myxococcota	Polyangia	Haliangiales	Haliangiaceae	<i>Haliangium</i>	814
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	<i>Solirubrobacter</i>	761
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Ammoniphilus</i>	730
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	707
Bacteria	Deinococcota	Deinococci	Deinococcales	Deinococcaceae	<i>Deinococcus</i>	677
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Streptomycetales	Streptomycetaceae	<i>Streptomyces</i>	667
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Nibrubacter</i>	666
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Sphingomonas</i>	616
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	<i>Parviterribacter</i>	614
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Marinococcaceae	<i>Alteribacillus</i>	613
Bacteria	Actinobacteriota	Rubrobacteria	Rubrobacterales	Rubrobacteriaceae	<i>Rubrobacter</i>	592
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Microvirga</i>	582
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Sphingobacteriales	Sphingobacteriaceae	<i>Pedobacter</i>	479
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus</i>	436
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Salinisphaerales	Solimonadaceae	<i>Polycyclovorans</i>	387
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Pontibacter</i>	375
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardiaceae	<i>Saccharopolyspora</i>	374
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Sphingoaurantiacus</i>	368
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	<i>Conexibacter</i>	315
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Kocuria</i>	266
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Roseomonas</i>	247

Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	<i>Segetibacter</i>	246
Bacteria	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	Chthoniobacterales	Chthoniobacteraceae	<i>Chthoniobacter</i>	241
Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexia	Thermomicrobiales	Thermomicrobiaceae	<i>Sphaerobacter</i>	237
Bacteria	Gemmatimonadota	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales	Gemmatimonadaceae	<i>Gemmatimonas</i>	223
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Acinetobacter</i>	220
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Curvibacter</i>	219
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Rubritepida</i>	218
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	<i>Phenyllobacterium</i>	209
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Devosiaceae	<i>Devosia</i>	204
Bacteria	Firmicutes	Limnochordia	Limnochordia	Limnochordia	<i>Hydrogenispora</i>	203
Arquea	Thermoplasmatota	Thermoplasmata	Marine Group II	Marine Group II	<i>Marine Group II</i>	192
Bacteria	Acidobacteriota	Blastocatellia	Blastocatellales	Blastocatellaceae	<i>Aridibacter</i>	190
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Cohnella</i>	182
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Novosphingobium</i>	182
Bacteria	Planctomycetota	Planctomycetes	Gemmatales	Gemmataceae	<i>Gemmata</i>	176
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	<i>Lysobacter</i>	161
Bacteria	Bdellovibrionota	Bdellovibrionia	Bacteriovorales	Bacteriovoraceae	<i>Peredibacter</i>	160
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Altererythrobacter</i>	156
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Rufibacter</i>	155
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	147
Bacteria	Nitrospirota	Nitrospiria	Nitrospirales	Nitrospiraceae	<i>Nitrospira</i>	146
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Geodermatophilaceae	<i>Modestobacter</i>	144
Bacteria	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	Pedosphaerales	Pedosphaeraceae	<i>Pedosphaera</i>	141
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Alcaligenaceae	<i>Pigmentiphaga</i>	141
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	<i>Lautropia</i>	140
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriotae	Bryobacterales	Bryobacteraceae	<i>Bryobacter</i>	135
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Microbacteriaceae	<i>Cryobacterium</i>	135
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Planomicrobium</i>	132
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiales	<i>Nordella</i>	130
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Catenuloplanes</i>	123
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Spirosomaceae	<i>Dyadobacter</i>	118
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Hymenobacter</i>	116
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Nitrosomonadaceae	<i>Nitrosomonas</i>	103
Bacteria	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	Opitutales	Opitutaceae	<i>Opitutus</i>	101
Bacteria	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacterales	Arcobacteraceae	<i>Halarcobacter</i>	98
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Steroidobacterales	Steroidobacteraceae	<i>Steroidobacter</i>	97
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Gaiellales	Gaiellaceae	<i>Gaiella</i>	87
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Pelomonas</i>	85
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacterales	Corynebacteriaceae	<i>Lawsonella</i>	81
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardiaceae	<i>Pseudonocardia</i>	78
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Staphylococcales	Staphylococcaceae	<i>Staphylococcus</i>	76
Bacteria	Cyanobacteria	Sericytochromatia	Sericytochromatia	Sericytochromatia	<i>Sericytochromatia</i>	74
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	<i>Shinella</i>	73
Bacteria	Sumerlaeota	Sumerlaeia	Sumerlaeales	Sumerlaeaceae	<i>Sumerlaea</i>	73
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Oscillospirales	Ruminococcaceae	<i>Candidatus Soleaferrea</i>	72
Bacteria	Myxococcota	Myxococcia	Myxococcales	Myxococcaceae	<i>Myxococcus</i>	71
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Lachnospirales	Lachnospiraceae	<i>Shuttleworthia</i>	70
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Cellvibrionales	Cellvibrionaceae	<i>Cellvibrio</i>	69
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	<i>Brevundimonas</i>	68
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Frankiaceae	<i>Frankia</i>	66
Bacteria	Myxococcota	Myxococcia	Myxococcales	Anaeromyxobacteraceae	<i>Anaeromyxobacter</i>	64

Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Undibacterium</i>	64
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriota	<i>Paludibaculum</i>	60
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Enhydrobacter</i>	54
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Streptosporangiales	Thermomonosporaceae	<i>Actinomadura</i>	50
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Micromonospora</i>	47
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Dongiiales	Dongiaceae	<i>Dongia</i>	46
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	<i>Flavitalea</i>	45
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Leptothrix</i>	42
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Spirosomaceae	<i>Arcicella</i>	41
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	<i>Limnobacter</i>	41
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Fictibacillus</i>	40
Bacteria	Bdellovibrionota	Bdellovibrionia	Bdellovibrionales	Bdellovibrionaceae	<i>Bdellovibrio</i>	39

Géneros más abundantes identificados en las Dunas de arena del Gran Desierto de Altar, Sonora

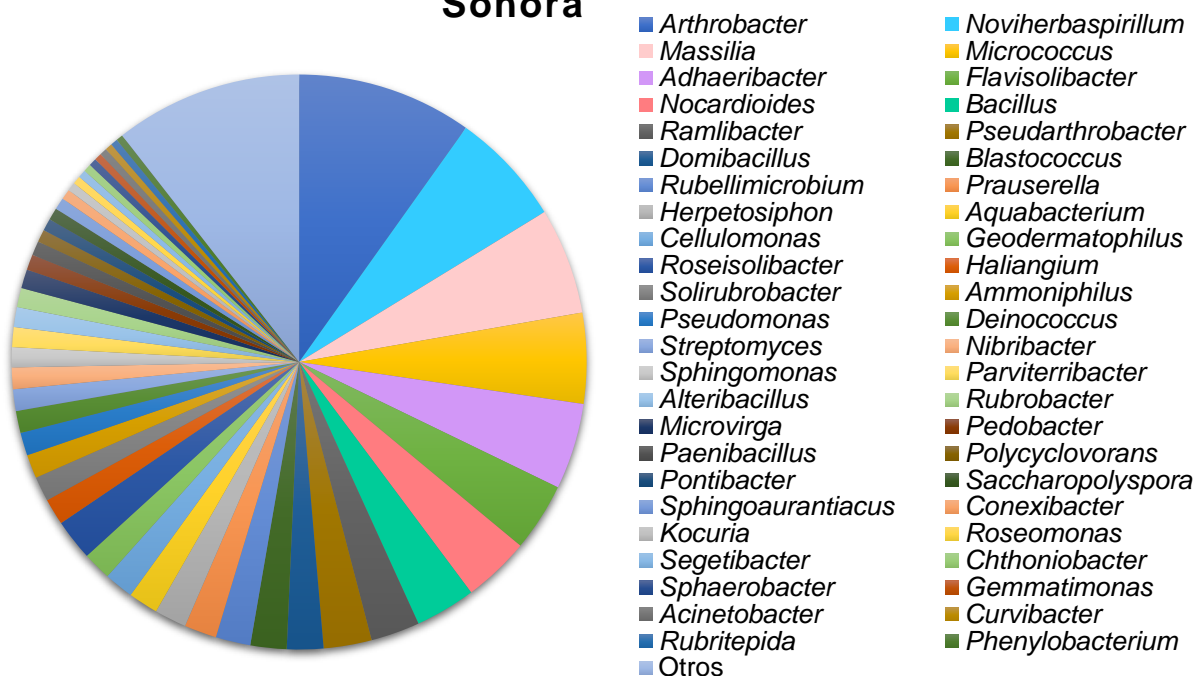


Figura 12. Gráfico circular que muestra los 48 géneros más abundantes identificados en las muestras DA del Gran Desierto de Altar, Sonora. *El porcentaje sólo incluye a las identificaciones hechas hasta nivel de género.

En las muestras de DA sólo 4 bacterias fueron identificadas hasta nivel de especie: *Micrococcus luteus*, *Massilia armeniaca*, *Saphylococcus aureus* y *Bacillus weihaiensis* (Tabla 7).

Tabla 7. Bacterias identificadas hasta nivel de especie en las DA del Gran Desierto de Altar, Sonora.

Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Especie	Secuencias
Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Micrococcus</i>	<i>M. luteus</i>	620
Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Massilia</i>	<i>M. armeniaca</i>	117
Firmicutes	Bacilli	Staphylococcales	Staphylococcaceae	<i>Staphylococcus</i>	<i>S. aureus</i>	76
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	<i>B. weihaiensis</i>	39

La asignación taxonómica a nivel de filo de las CS del desierto de Sonora, mostró la presencia de los dominios Arquea y Bacteria, en aproximadamente partes iguales de su abundancia relativa. Las bacterias predominantes pertenecieron a los filos Firmicutes, Bacteroidota, Proteobacteria y Actinobacteriota mientras que todas las Archaea identificadas fueron pertenecientes al filo Halobacterota (Figura 13). Dos lecturas de las muestras de CS no fueron asignada a ningún grupo taxonómico.

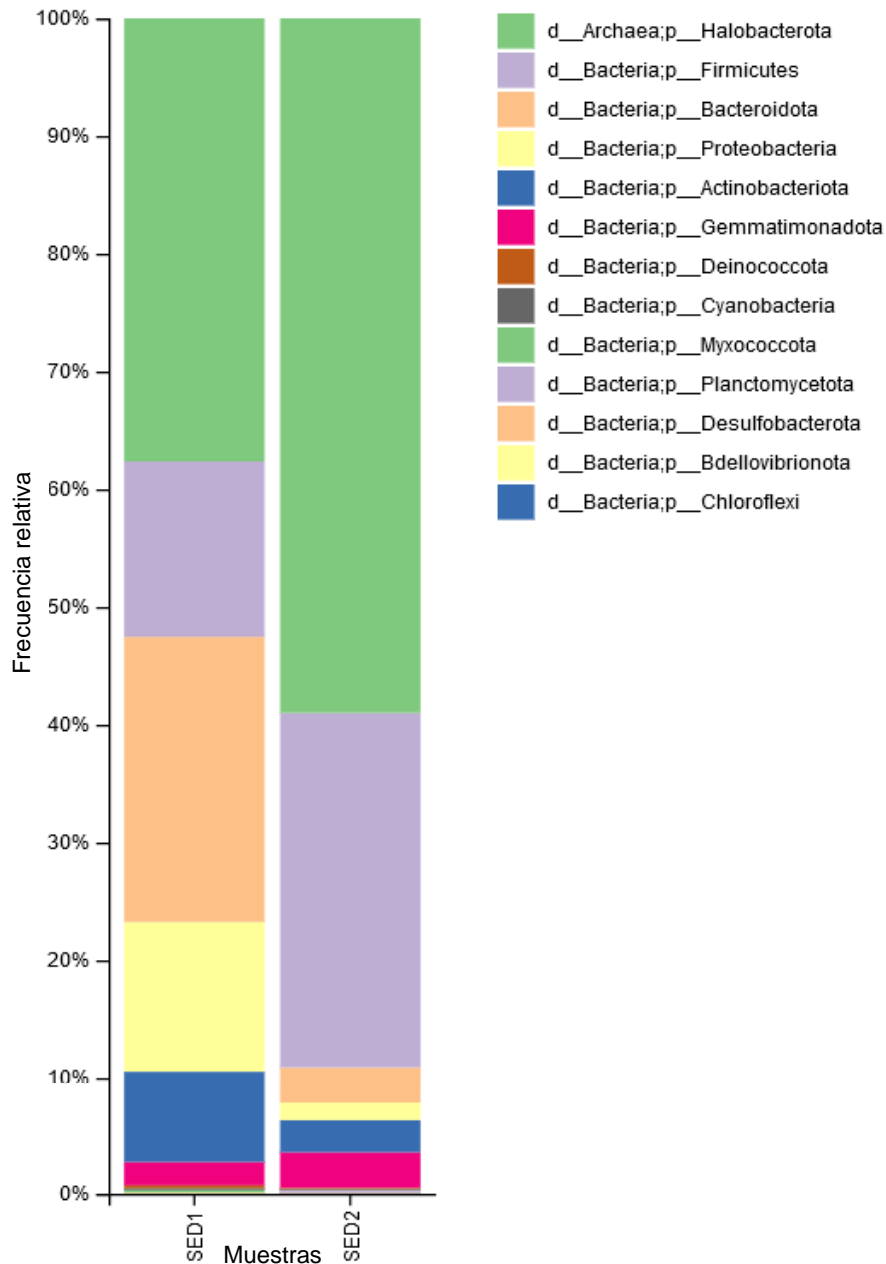


Figura 13. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de filo, encontradas en la muestra de las CS del desierto de Altar, Sonora.

A nivel de clase, la mayor abundancia correspondió a la Clase Halobacteria, del dominio Archaea, seguido de Bacilli, Bacteroidia, Actinobacteriota, Alphaproteobacteria y Gammaproteobacteria (Datos no mostrados).

A nivel de género, fueron identificados 106 arqueas y bacterias, dentro de las que destacan microorganismos halófilos y halotolerantes como: *Natronococcus*, *Halalkalicoccus*, *Salipaludibacillus*, *Tumebacillus*, *Natronomonas*, *Natronorubrum* y *Planococcus* entre otros géneros con la mayor cantidad de secuencias (Tabla 8).

En las CS del Gran Desierto de Altar, 14 géneros de arqueas del orden Halobacterales fueron identificados: *Halorubrum*, *Natronorubrum*, *Natronomonas*, *Natronoarchaeum*, *Halohasta*, *Haloterrigena*, *Haloparvum*, *Halonotius*, *Natrinema*, *Halopiger*, *Halovivax* y *Natrialba* (Tabla 8, subrayadas en azul).

Tabla 8. Géneros identificados en las CS del Gran Desierto de Altar, Sonora. Las arqueas están subrayadas en azul.

Dominio	Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Secuencias
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Natronococcus</i>	13473
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Halococcaceae	<i>Halalkalicoccus</i>	12172
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Salisediminibacteriaceae	<i>Salipaludibacillus</i>	5083
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Alicyclobacillales	Alicyclobacillaceae	<i>Tumebacillus</i>	3201
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Pontibacter</i>	3092
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	3055
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Halomicrobiaceae	<i>Natronomonas</i>	1658
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Paracoccus</i>	1491
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Natronorubrum</i>	1036
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Planococcus</i>	891
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Anaerobacillus</i>	489
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	416
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Kocuria</i>	353
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Bogoriellaceae	<i>Georgenia</i>	351
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Planomicrobium</i>	346
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Nesterenkonia</i>	320
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Oceanospirillales	Halomonadaceae	<i>Halomonas</i>	283
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Noviherbaspirillum</i>	252
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardaceae	<i>Prauserella</i>	205
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Rufibacter</i>	191
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Antarcticibacterium</i>	187
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Halohasta</i>	186
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Lentibacillus</i>	160
Bacteria	Deinococcota	Deinococci	Deinococcales	Trueperaceae	<i>Truepera</i>	143
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	<i>Alkalibacterium</i>	140
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Haloterrigena</i>	131
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Cytophagaceae	<i>Cytophaga</i>	130
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Geodermatophilaceae	<i>Blastococcus</i>	122
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Devosiaceae	<i>Devosia</i>	121
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Staphylococcales	Staphylococcaceae	<i>Salinicoccus</i>	121
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Marinococcaceae	<i>Alteribacillus</i>	120
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Altererythrobacter</i>	119
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Adhaeribacter</i>	116
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	111
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia</i>	105
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Halopiger</i>	100
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Cyclobacteriaceae	<i>Cesiribacter</i>	96
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Halovivax</i>	96
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Paenibacillus</i>	82

Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Cellulomonadaceae	<i>Cellulomonas</i>	72
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Natrialba</i>	70
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Pseudonocardiales	Pseudonocardiaceae	<i>Saccharopolyspora</i>	68
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Geodermatophilaceae	<i>Geodermatophilus</i>	67
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Arthrobacter</i>	63
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Haloparvum</i>	60
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacteriales	Rhodobacteraceae	<i>Rubellimicrobium</i>	58
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	55
Bacteria	Gemmatimonadota	Longimicrobia	Longimicrobiales	Longimicrobiaceae	<i>Longimicrobium</i>	54
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacteriales	Acetobacteraceae	<i>Roseomonas</i>	51
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Cytophagaceae	<i>Sporocytophaga</i>	51
Bacteria	Myxococcota	Myxococcia	Myxococcales	Myxococcaceae	<i>Coralloccoccus</i>	48
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Morganellaceae	<i>Morganella</i>	48
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Carnobacteriaceae	<i>Marinilactibacillus</i>	44
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Virgibacillus</i>	40
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacteriales	Caulobacteraceae	<i>Brevundimonas</i>	34
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Cyclobacteriaceae	<i>Algoriphagus</i>	33
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Natronoarchaenum</i>	33
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Devosiaceae	<i>Pelagibacterium</i>	32
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales	Peptostreptococcaceae	<i>Terrisporobacter</i>	29
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Nitiliruptorales	Nitiliruptoraceae	<i>Egicoccus</i>	26
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Cellulomonadaceae	<i>Actinotalea</i>	25
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Azospirillales	Azospirillaceae	<i>Azospirillum</i>	25
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Paenibacillales	Paenibacillaceae	<i>Ammoniphilus</i>	24
Bacteria	Bdellovibrionota	Bdellovibrionia	Bacteriovoracales	Bacteriovoracaceae	<i>Peredibacter</i>	24
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Curvibacter</i>	23
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Salinimicrobium</i>	22
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Salisediminibacteriaceae	<i>Alkalicoccus</i>	21
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridia	Hungateiclostridiaceae	<i>Fastidiosipila</i>	21
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Halorubrum</i>	21
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	<i>Luteimonas</i>	21
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Massilia</i>	19
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacteriales	Rhodobacteraceae	<i>Rhodobaculum</i>	18
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacteriales	Rhodobacteraceae	<i>Sulfitobacter</i>	18
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Halolactibacillus</i>	17
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Kineosporiales	Kineosporiaceae	<i>Kineococcus</i>	17
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Methyllobacterium</i>	15
Bacteria	Cyanobacteria	Cyanobacteriia	Cyanobacteriales	Chroococciopsaceae	<i>Gloeocapsa</i>	14
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Microbacteriaceae	<i>Microbacterium</i>	14
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Alteromonadales	Idiomarinaceae	<i>Aliidiomarina</i>	13
Bacteria	Myxococcota	Myxococcia	Myxococcales	Myxococcaceae	<i>Myxococcus</i>	13
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Ramlibacter</i>	13
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Enhydrobacter</i>	12
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	11
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Spirosomaceae	<i>Pseudarcicella</i>	11
Bacteria	Gemmatimonadota	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales	Gemmatimonadaceae	<i>Roseisolibacter</i>	11
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	<i>Arenimonas</i>	10
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Nocardoidaceae	<i>Nocardioides</i>	10
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Novosphingobium</i>	9
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	<i>Segetibacter</i>	9
Bacteria	Bdellovibrionota	Bdellovibrionia	Bdellovibrionales	Bdellovibrionaceae	<i>Bdellovibrio</i>	8
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Xanthobacteraceae	<i>Bradyrhizobium</i>	8

Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Domibacillus</i>	8
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Halonotius</i>	8
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Oceanospirillales	Halomonadaceae	<i>Kushneria</i>	8
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Natrinema</i>	8
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Nitrosococcales	Nitrosococcaceae	<i>Nitrosococcus</i>	8
Bacteria	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	Opitutales	Puniceicoccaceae	<i>Pelagicoccus</i>	8
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Azospirillales	Azospirillaceae	<i>Skermanella</i>	8
Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexia	Chloroflexales	Chloroflexaceae	<i>Ca. Chloroploca</i>	7
Bacteria	Bdellovibrionota	Oligoflexia	Oligoflexales	Oligoflexales	<i>Oligoflexus</i>	7
Bacteria	Cyanobacteria	Sericytochromatia	Sericytochromatia	Sericytochromatia	<i>Sericytochromatia</i>	5
Bacteria	Myxococcota	Polyangia	Haliangiales	Haliangiaceae	<i>Haliangium</i>	4
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Sphingomonas</i>	4
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	<i>Solirubrobacter</i>	3
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Acinetobacter</i>	2
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Chitinophagales	Chitinophagaceae	<i>Flavisolibacter</i>	2

Géneros más abundantes identificados en las Costras salinas del Gran Desierto de Altar, Sonora

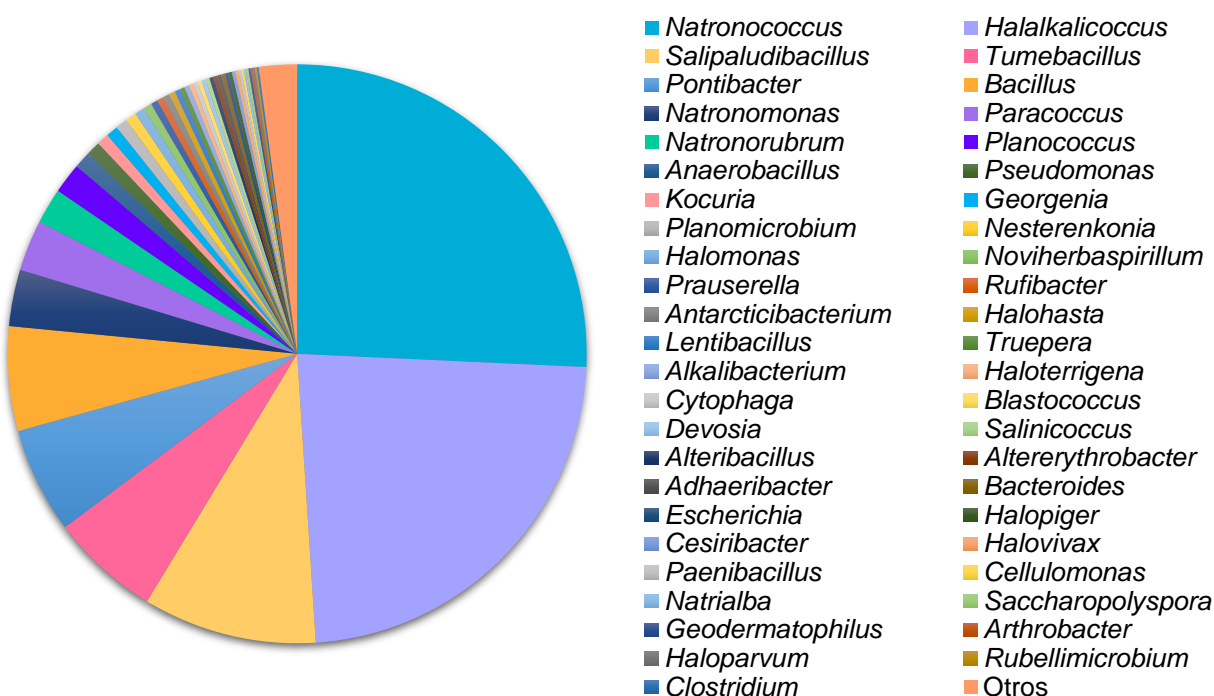


Figura 14. Gráfico circular que muestra los 48 géneros más abundantes identificados en las CS del Gran Desierto de Altar, Sonora. *El porcentaje sólo incluye a las identificaciones hechas hasta nivel de género.

A nivel de especie, fueron identificadas 2 arqueas y 4 bacterias en las CS del Desierto de Altar, Sonora. Dos arqueas extremadamente halófilas *Halalkalicoccus jeotgali* y *Natronococcus occultus* así como *Bacillus krulwichiae*, una bacteria halotolerante, *Planococcus kocurii* una bacteria halotolerante y psicotolerante, *Morganella morgani*, un patógeno oportunista causante de diversas infecciones y *Escherichia albertii* una bacteria enteropatógena (Tabla 9).

Tabla 9. Especies de arqueas y bacterias, identificadas en las CS del Gran Desierto de Altar, Sonora. Las arqueas están subrayadas en azul.

Dominio	Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Especie
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Halococcaceae	<i>Halalkalicoccus</i>	<i>H. jeotgali</i>
Archaea	Halobacterota	Halobacteria	Halobacterales	Haloferacaceae	<i>Natronococcus</i>	<i>N. occultus</i>
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	<i>B. krulwichiae</i>
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Planococcus</i>	<i>P. kocurii</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Morganellaceae	<i>Morganella</i>	<i>M. morganii</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacterales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia</i>	<i>E. albertii</i>

Árboles filogenéticos

El árbol filogenético de DA (Figura 15) mostró una mayor diversificación de los filos: Proteobacteria, Chloroflexi, Actinobacteriota y Planctomycetota, mientras que para las muestras de CS (Figura 16), el árbol filogenético muestra una mayor diversificación de las clases taxonómicas: Halobacteria, Bacterodia, Bacilli y Gammaproteobacteria, con grupos taxonómicos ampliamente distribuidos en ambientes salinos y áridos previamente reportados.

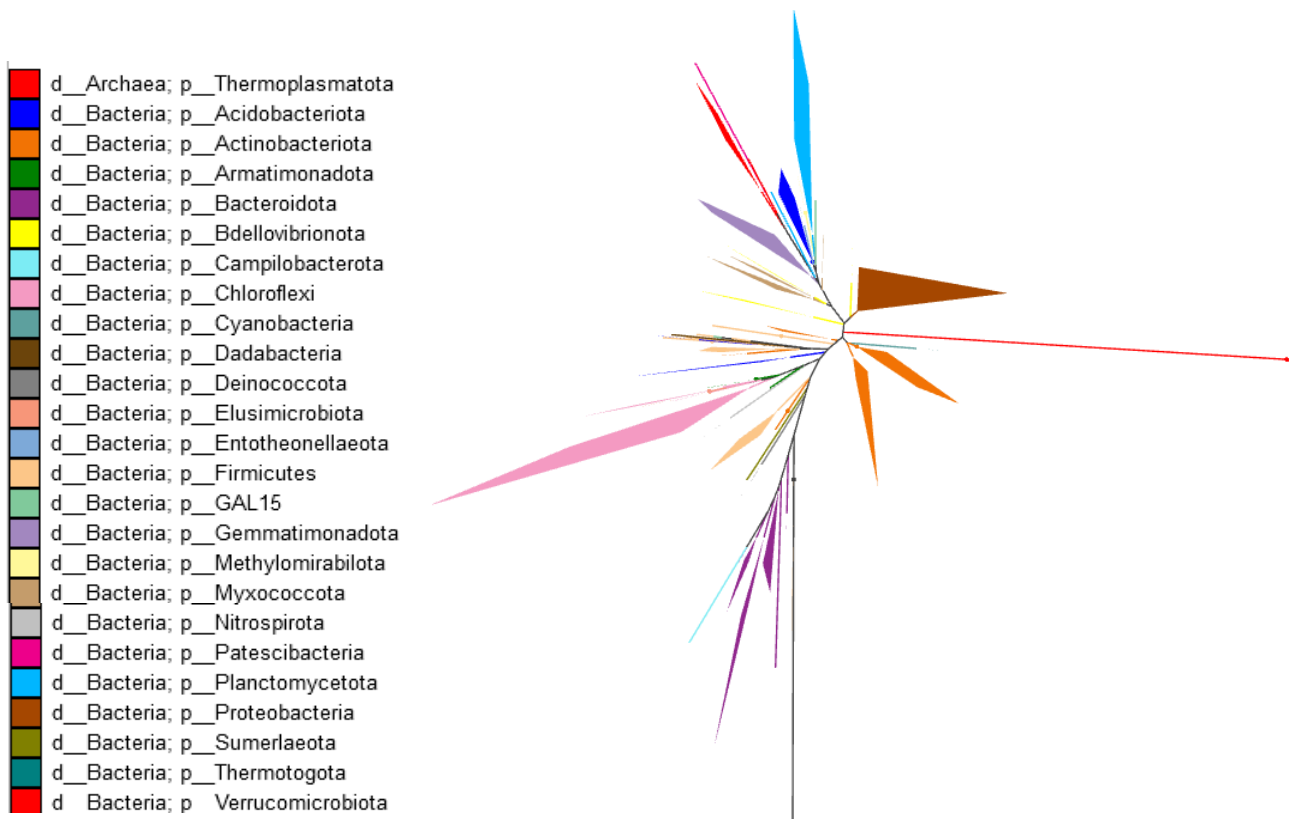


Figura 15. Árbol filogenético a nivel de Filo, basado en secuencias bacterianas ribosomales 16S, de las muestras de DA del Desierto de Sonora, utilizando el algoritmo Fast Tree con 1000 Bootstrap.

- d_Archaea; p_Halobacterota; c_Halobacteria
- d_Bacteria; p_Actinobacteriota; c_Acidimicrobiia
- d_Bacteria; p_Actinobacteriota; c_Actinobacteria
- d_Bacteria; p_Actinobacteriota; c_Thermoleophilia
- d_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Bacteroidia
- d_Bacteria; p_Bacteroidota; c_Rhodothermia
- d_Bacteria; p_Bdellovibrionota; c_Bdellovibrionia
- d_Bacteria; p_Chloroflexi; c_Chloroflexia
- d_Bacteria; p_Cyanobacteria; c_Cyanobacteria
- d_Bacteria; p_Deinococcota; c_Deinococci
- d_Bacteria; p_Desulfobacterota; c_Desulfuromonadia
- d_Bacteria; p_Firmicutes; c_Bacilli
- d_Bacteria; p_Firmicutes; c_Clostridia
- d_Bacteria; p_Firmicutes; c_Symbiobacteria
- d_Bacteria; p_Gemmatimonadota; c_Gemmatimonadetes
- d_Bacteria; p_Gemmatimonadota; c_Longimicrobia
- d_Bacteria; p_Gemmatimonadota; c_S0134_terrestrial_group
- d_Bacteria; p_Myxococcota; c_Myxococcia
- d_Bacteria; p_Planctomycetota; c_Planctomycetes
- d_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Alphaproteobacteria
- d_Bacteria; p_Proteobacteria; c_Gammaproteobacteria

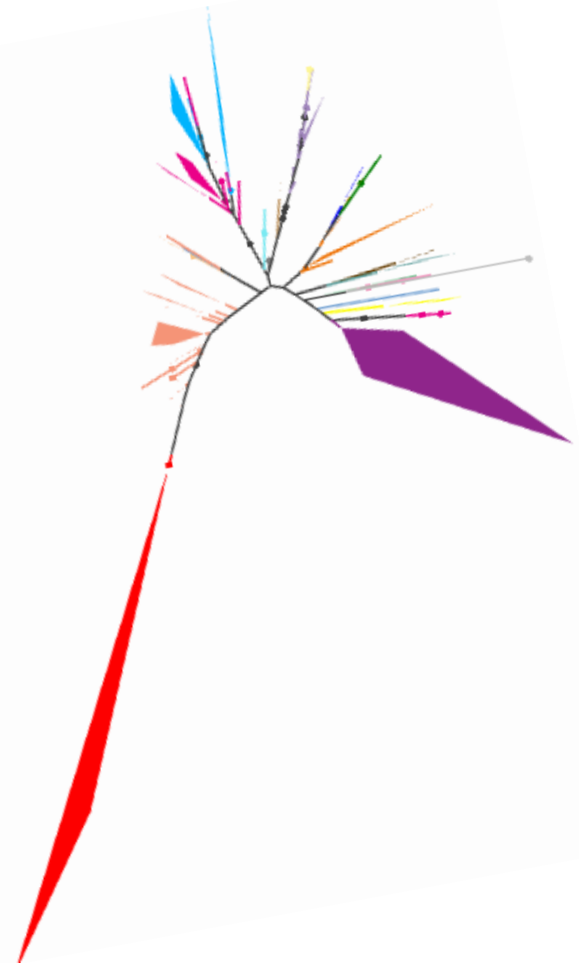
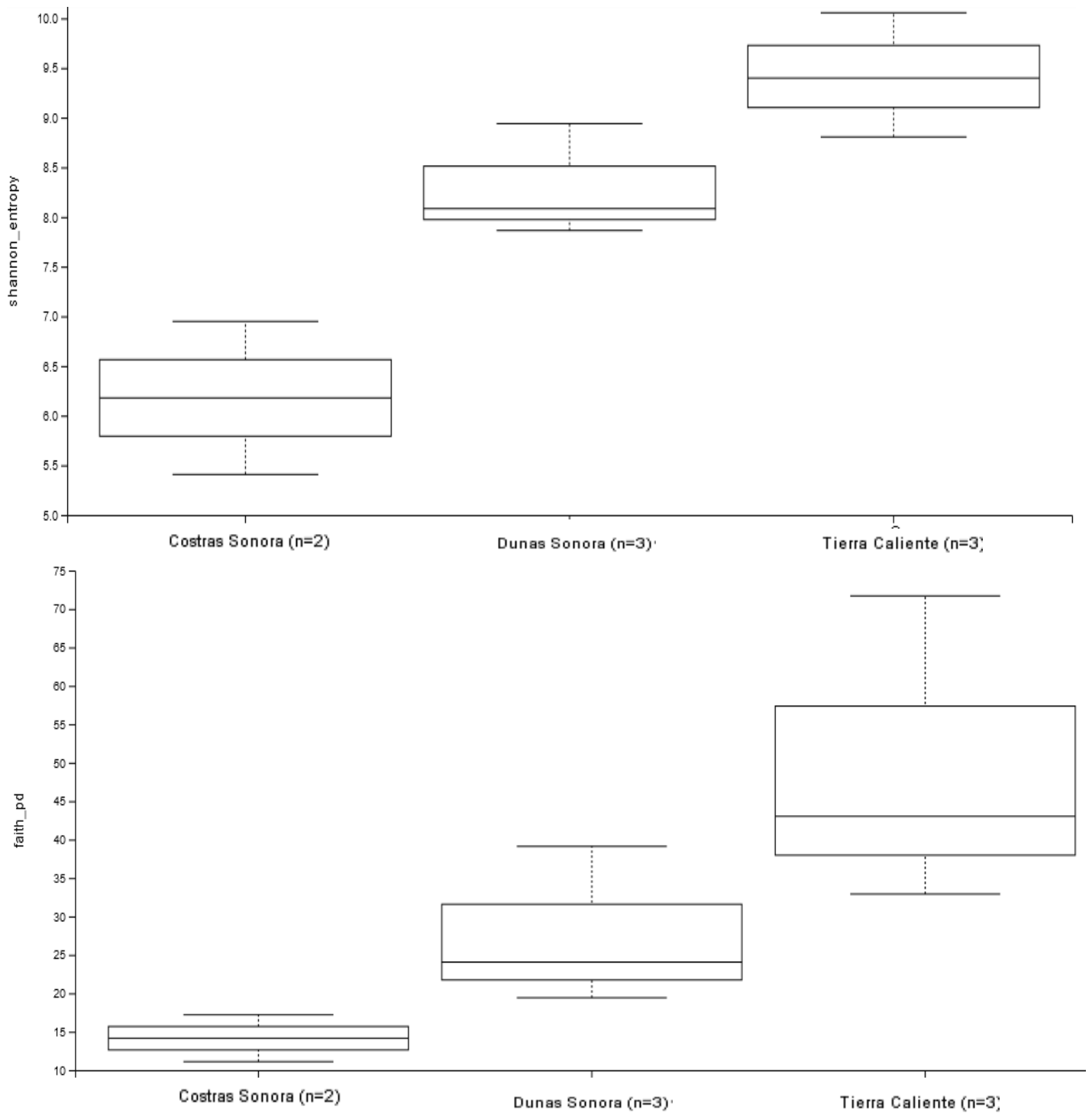


Figura 16. Árbol filogenético a nivel de clase, basado en secuencias bacterianas ribosomales 16S, de las muestras de CS del Desierto de Sonora, utilizando el algoritmo Fast Tree con 1000 Bootstrap.

Diversidad Alfa y Beta

La diversidad alfa se estimó por medio de dos índices: el índice de Shannon y el índice filogenético de Faith. Los resultados de la prueba de Kruskal-Wallis (*P=0.05) indicaron diferencias significativas en las medidas de diversidad alfa de TC y DA contra CS. Las muestras de CS del desierto de sonora presentaron una menor diversidad en comparación a TC y DA (Figura 17).

El análisis de diversidad beta por el método UniFrac Ponderado muestra una agrupación de las muestras por sitio, las distancias entre ellas indica que tan diferentes son entre sí, considerando la composición taxonómica así como la abundancia relativa (Figura 18).



Grupo 1	Grupo 2	H	p-value	q-value
Costras Sonora (n=2)	Dunas Sonora (n=3)	3.00	0.08	0.12
Costras Sonora (n=2)	Tierra Caliente (n=3)	3.00	0.08	0.12
Dunas Sonora (n=3)	Tierra Caliente (n=3)	2.33	0.13	0.13

Figura 17. Análisis de diversidad alfa de bacterias en las distintas muestras de sedimentos desérticos. Los resultados de la prueba de Kruskal-Wallis indica diferencias significativas en las medidas de diversidad alfa de TC y DA del desierto de Sonora contra las CS del desierto de Sonora, con un patrón similar entre los índices de a) Shannon y b) Faith (*P=0.05).

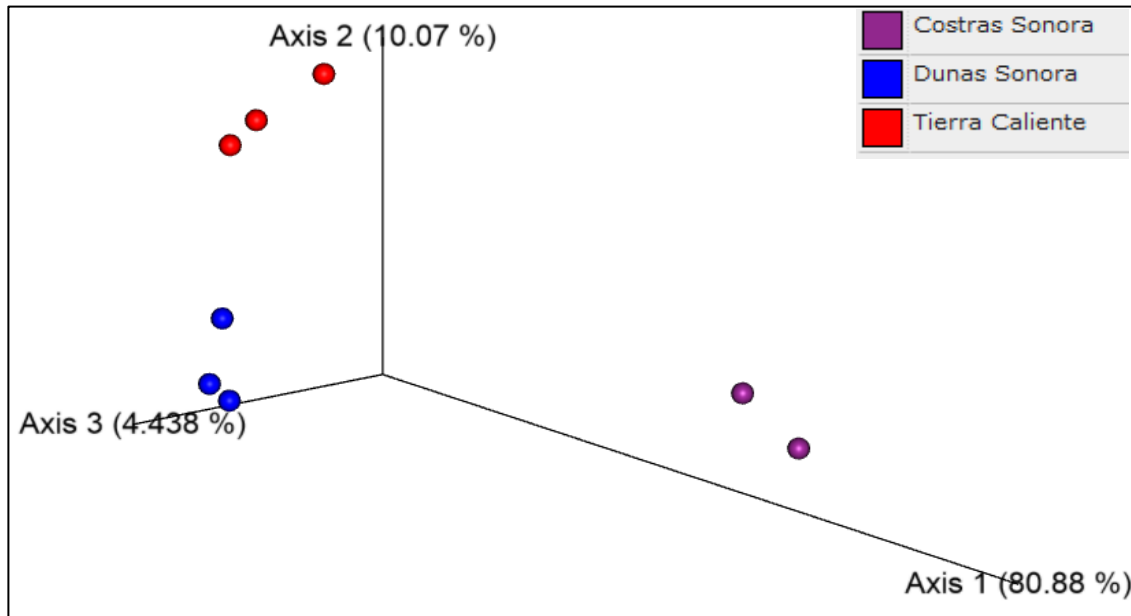


Figura 18. Diversidad beta. Diagrama PCoA 2D obtenido del análisis de las muestras de TC y del Desierto de Sonora, por el método UNIFRAC ponderado.

Análisis de abundancia diferencial ANCOM

El análisis ANCOM no mostró taxones diferencialmente abundantes entre los 3 tipos de muestra de sedimento desértico analizados. Sin embargo, un total de 28 géneros fueron compartidos por los tres sitios desérticos aquí analizados; 139 géneros son únicos de uno de los 3 tipos de sedimento desértico, es decir, que no se comparten con ninguno de los otros sitios; 30 géneros compartidos entre TC y las DA del Desierto de Altar, Sonora; 12 géneros compartidos entre las DA y las CS del Desierto de Sonora y sólo 3 géneros compartidos entre TC y las CS (Figura 19).

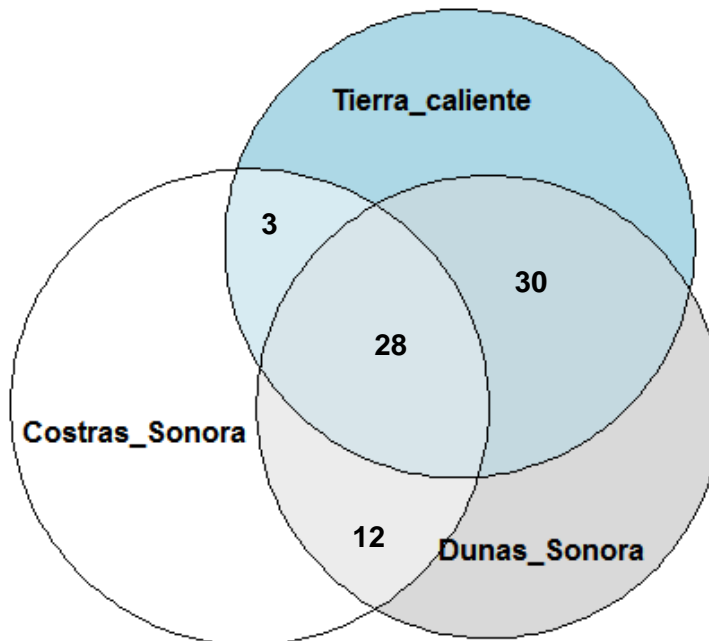


Figura 19. Diagrama de Venn que muestra el número de géneros compartidos entre cada sitio desértico explorado en el presente estudio: CS y DA del Gran desierto de Altar, Sonora y TC, Michoacán.

Los Azufres, Michoacán

Identificación taxonómica

A pesar de que la secuenciación de amplicones 16S está enfocada a bacterias, como podemos ver en las figuras 20 y 21, se encontraron algunas arqueas en las muestras tanto en la zona de MM, como en la región de BT, aunque casi en su totalidad corresponden al dominio Bacteria. Un total de 12 lecturas no pudieron ser asignadas taxonómicamente, 6 correspondientes a MM y 6 de la región de BT.

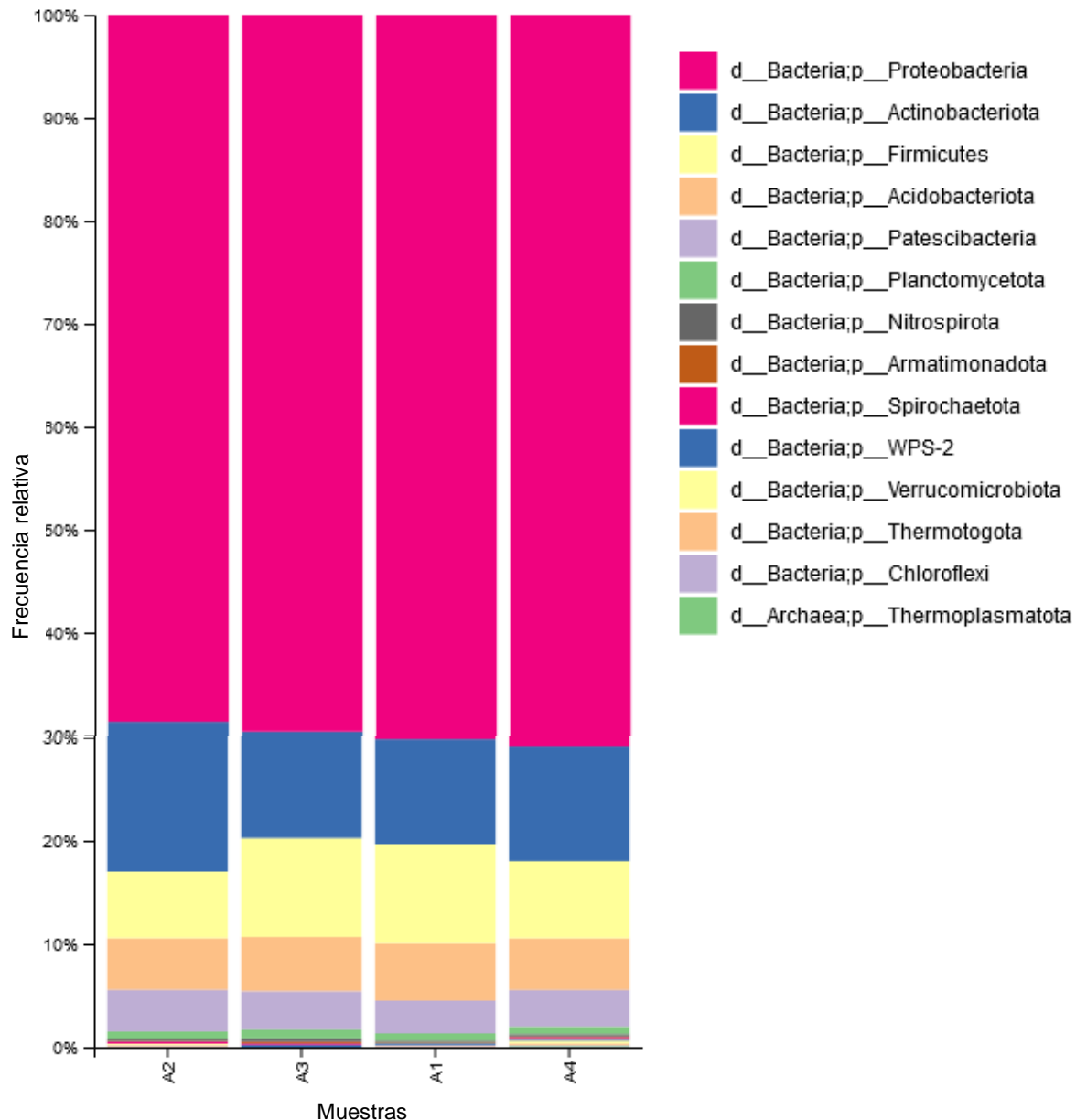


Figura 20. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de Filo encontradas en las muestras de la región de MM, en el campo geotérmico de LA.

Dentro del dominio Bacteria, las muestras de sedimentos de MM se vieron dominadas en abundancia por el filo Proteobacteria, representado casi en partes iguales por las clases Gammaproteobacteria y Alphaproteobacteria (Figura 22), seguido de los phyla Actinobacteriota y Firmicutes (Figura 20), así como arqueas del filo Thermoplasmatota.

Por otro lado, en las muestras de sedimentos de BT, Actinobacteriota tuvo más del 80% de abundancia relativa para todas las muestras, porcentaje del cuál, un 60-90% de la abundancia relativa, pertenece al género *Ferrimicrobium*. También fueron identificadas arqueas de los phyla Micrarchaeota, Crenarchaeota y Thermoplasmatota (Figura 21).

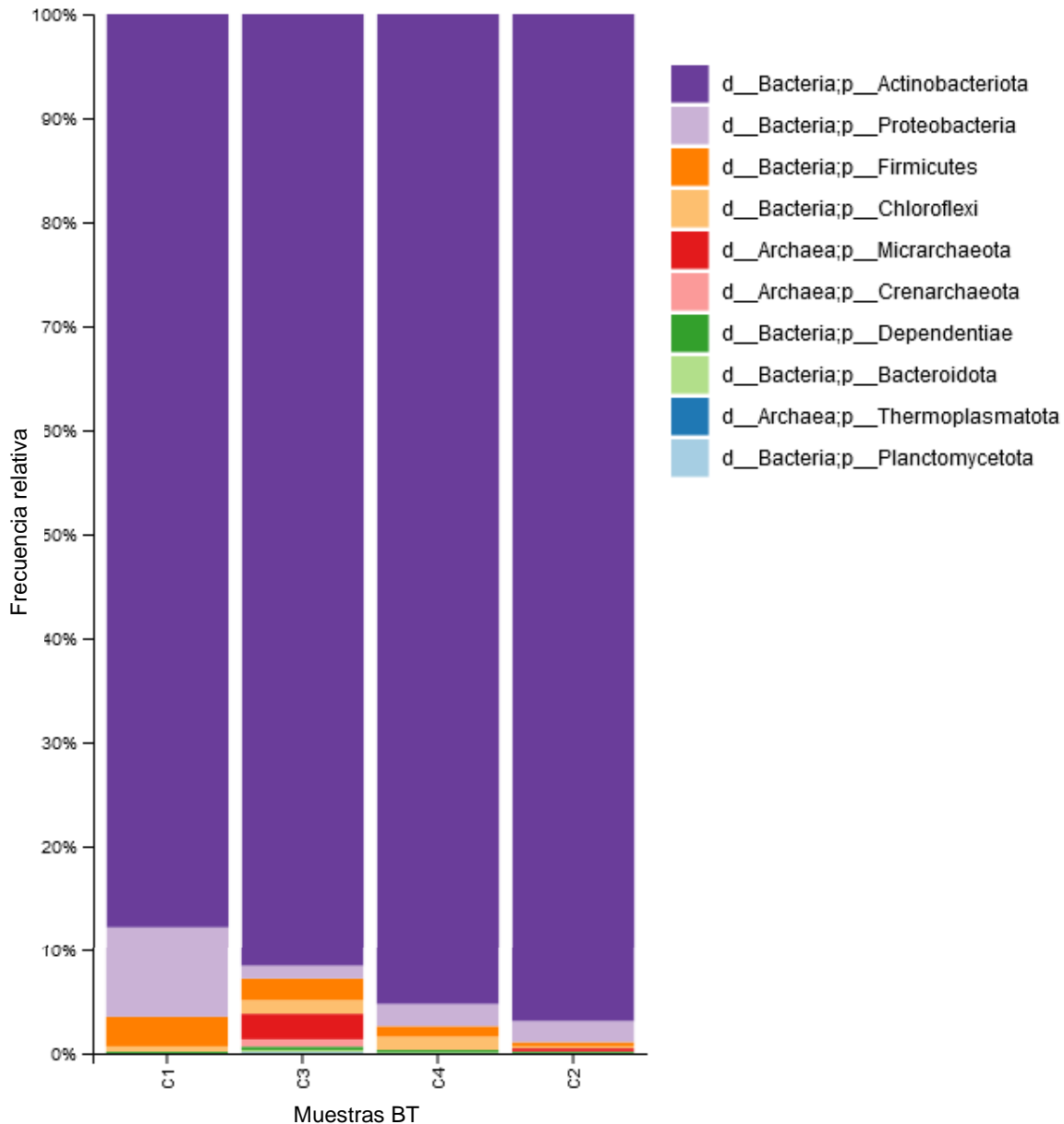


Figura 21. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de Filo encontradas en las muestras de la región BT, en el campo geotérmico de LA.

A nivel de clase, en las muestras de MM, Alphaproteobacteria (~36%), Gammaproteobacteria (~33%), Acidimicrobiia (~8%) y Bacilli (~8%) fueron las bacterias más abundantes, mientras que la clase Thermoplasmata, del filo Thermoplasmata fueron las únicas arqueas identificadas para estas muestras (Figura 22).

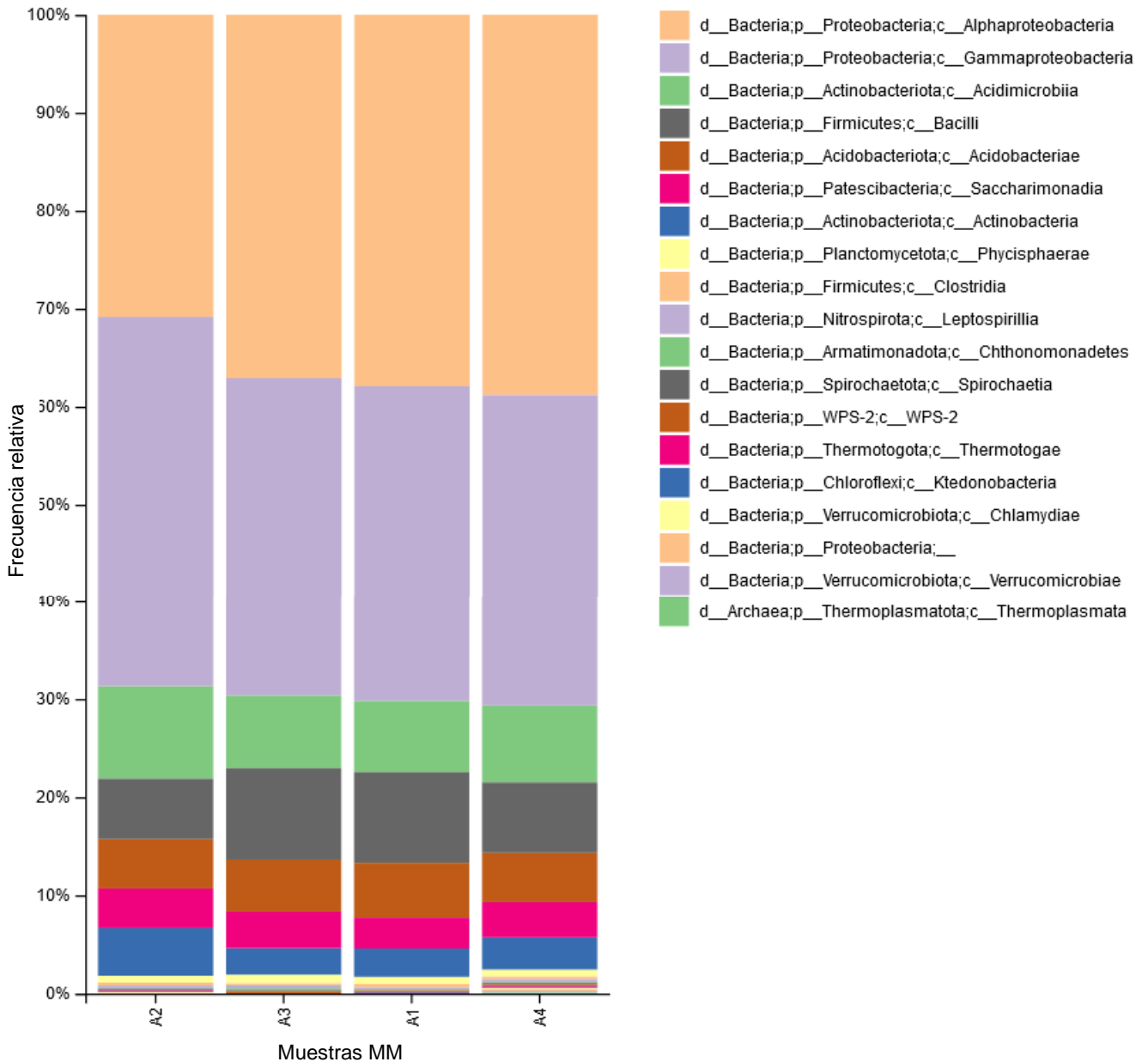


Figura 22. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de Clase, encontradas en las muestras de la región de MM, en el campo geotérmico de LA.

En las muestras de BT, la clase Acidimicrobiia dominó en todas las muestras, con aproximadamente un 90% de la abundancia relativa en promedio, seguida de Gammaproteobacteria, Actinobacteriota y Bacilli con abundancias relativas ya por debajo del 10% de todas las muestras (Figura 23). También hubo dos clases de arqueas identificadas,

Thermoprotei del filo Crenarchaeota, Thermoplasmata del filo Thermoplasmata y Micrarchaeia del filo Micrarchaeota.

Para las muestras de MM los géneros identificados con mayor abundancia en las muestras fueron *Thiomonas*, *Acidisoma*, *Acidocella*, *Acidiphilium*, *Acidithiobacillus*, *Alicyclobacillus*, *Acidibacillus* y *Acidobacterium* por mencionar los principales (Tabla 12). Mientras que en la región de los balnearios, las muestras estuvieron dominadas notoriamente por el género *Ferrimicrobium*, también *Acidithiobacillus*, *Mycobacterium* y *Acidimicrobium* estuvieron presentes aunque con menores abundancias. El género más abundante de arqueas fue *Candidatus Micrarchaeum* (Tabla 10).

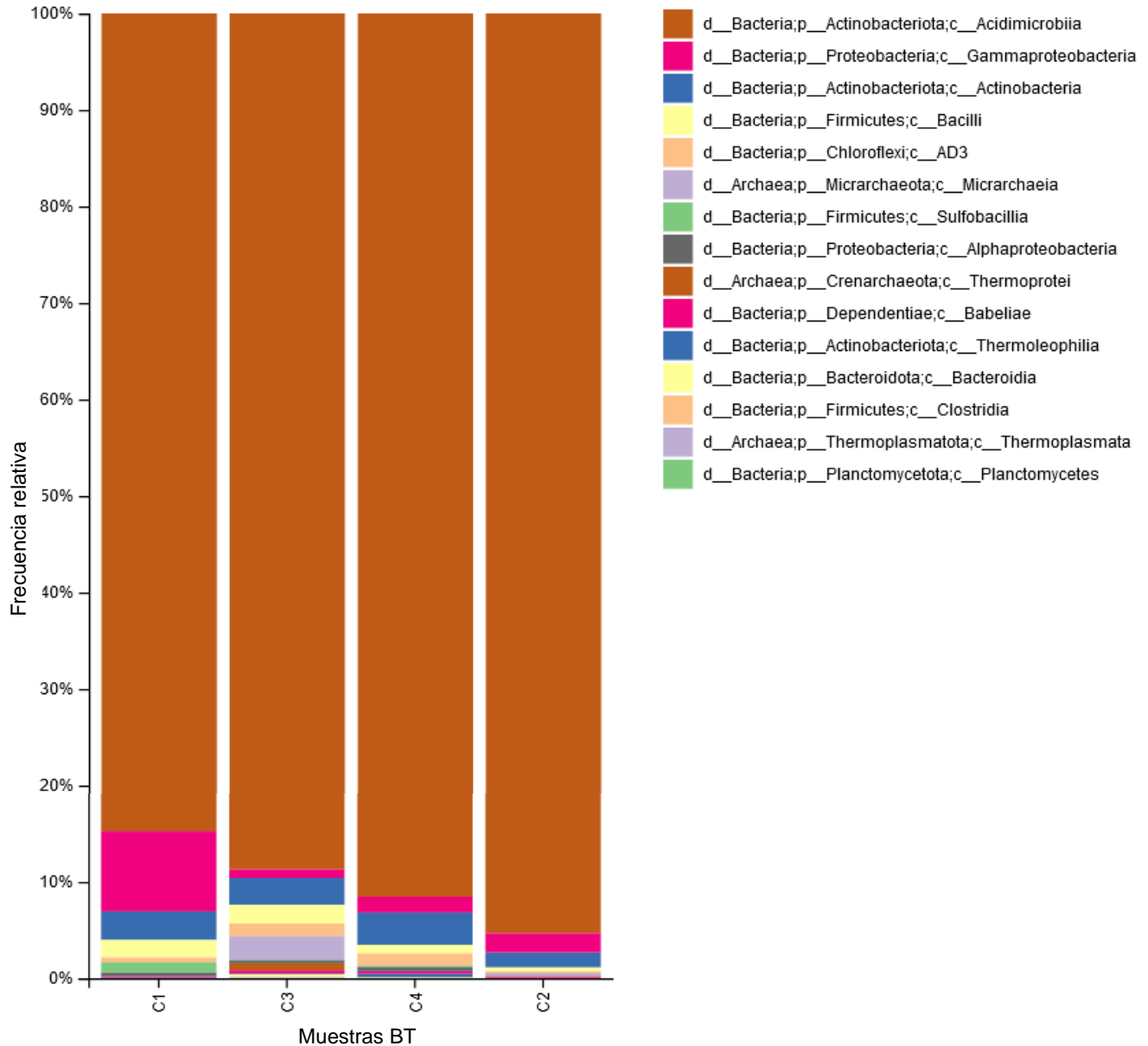


Figura 23. Composición taxonómica y abundancias relativas a nivel de Clase, encontradas en las muestras de la región BT, en el campo geotérmico de LA.

Tabla 10. Identificaciones a nivel de género encontradas en la región de BT en LA.

Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género	Secuencias
Bacteria	Actinobacteriota	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	Acidimicrobiaceae	<i>Ferrimicrobium</i>	90860
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Acidithiobacillales	Acidithiobacillaceae	<i>Acidithiobacillus</i>	2500
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	<i>Mycobacterium</i>	2187
Bacteria	Actinobacteriota	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	Acidimicrobiaceae	<i>Acidimicrobium</i>	1014
Bacteria	Micrarchaeota	Micrarchaeia	Micrarchaeales	Micrarchaeales	<i>Ca. Micrarchaeum</i>	856
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Acidothermaceae	<i>Acidothermus</i>	599
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Alicyclobacillales	Alicyclobacillaceae	<i>Alicyclobacillus</i>	594
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Alicyclobacillales	Alicyclobacillaceae	<i>Acidibacillus</i>	548
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Massilia</i>	435
Bacteria	Firmicutes	Sulfobacillia	Sulfobacillales	Sulfobacillaceae	<i>Sulfobacillus</i>	375
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Acinetobacter</i>	243
Bacteria	Crenarchaeota	Thermoprotei	Sulfolobales	Sulfolobaceae	<i>Acidianus</i>	242
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Enhydrobacter</i>	186
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	<i>Conexibacter</i>	167
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Staphylococcales	Staphylococcaceae	<i>Staphylococcus</i>	166
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rickettsiales	Rickettsiaceae	<i>Ca. Megaira</i>	105
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Gammaproteobacteria	ND	<i>Ca. Ovatusbacter</i>	103
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Propionibacteriaceae	<i>Cutibacterium</i>	78
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	<i>Brevundimonas</i>	68
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Planktomarina</i>	65
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Micrococcus</i>	64
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Amylibacter</i>	63
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	<i>Facklamia</i>	36
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	31
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Kocuria</i>	28
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Morganellaceae	<i>Morganella</i>	25
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Planococcus</i>	25
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacteriales	Corynebacteriaceae	<i>Corynebacterium</i>	24
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacteriales	Dietziaceae	<i>Dietzia</i>	23
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacteriales	Corynebacteriaceae	<i>Lawsonella</i>	22
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Anoxybacillus</i>	21
Bacteria	Thermoplasmata	Thermoplasmata	Thermoplasmatales	Ferropasmaceae	<i>Ferroplasma</i>	21
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	<i>Solirubrobacter</i>	20
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Staphylococcales	Staphylococcaceae	<i>Jeotgalicoccus</i>	18
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Rubellimicrobium</i>	17
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Schlegelella</i>	15
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Sphingomonas</i>	15
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Intrasporangiaceae	<i>Terrabacter</i>	15
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	14
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Aeromonadaceae	<i>Aeromonas</i>	13
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	13
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	<i>Cloacibacterium</i>	12
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Haemophilus</i>	12
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	12
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	11
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	11
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Bosea</i>	10
Bacteria	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Collinsella</i>	10
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Pseudarthrobacter</i>	10

Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Ulvibacter</i>	10
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Actinobacillus</i>	9
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Amaricoccus</i>	9
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	<i>Aquamicrobium</i>	9
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Flavobacterium</i>	9
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Stappiaceae	<i>Pannonibacter</i>	8
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Paracoccus</i>	8
Bacteria	Bdellovibrionota	Bdellovibrionia	Bdellovibrionales	Bdellovibrionaceae	<i>Bdellovibrio</i>	7
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Nocardoidaceae	<i>Nocardioides</i>	7
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Hydrogenophilaceae	<i>Tepidiphilus</i>	7
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Kurthia</i>	6
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Methylobacterium</i>	6
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Alteromonadales	Alteromonadaceae	<i>Alteromonas</i>	5
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Geodermatophilaceae	<i>Blastococcus</i>	5
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Craurococcus</i>	5
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales	Peptostreptococcaceae	<i>Romboutsia</i>	5
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Acidiphilium</i>	4
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Hymenobacter</i>	4
Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexia	Chloroflexales	Roseiflexaceae	<i>Roseiflexus</i>	4
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Sphingopyxis</i>	4
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micromonosporales	Micromonosporaceae	<i>Micromonospora</i>	3
Archaea	Crenarchaeota	Thermoprotei	Sulfolobales	Sulfolobaceae	<i>Sulfolobus</i>	3
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Brevibacteriaceae	<i>Brevibacterium</i>	2
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Dysgonomonadaceae	<i>Fermentimonas</i>	2

*ND=No determinado

A nivel taxonómico de especie, en la región de MM se identificaron tres bacterias *Alicyclobacillus acidoterrestris*, *Clostridium magnum* y *Acidithiobacillus thiooxidans*, mientras que en la región de BT fueron identificadas siete bacterias *Acinetobacter schindleri*, *Alicyclobacillus acidocaldarius*, *Anoxybacillus flavithermus*, *Bacillus thermoamylovorans*, *Staphylococcus saprophyticus*, *Kocuria palustris* y *Pannonibacter phragmitetus* (Tablas 11 y 13).

Géneros más abundantes en la región de Los Balnearios en Los Azufres, Michoacán

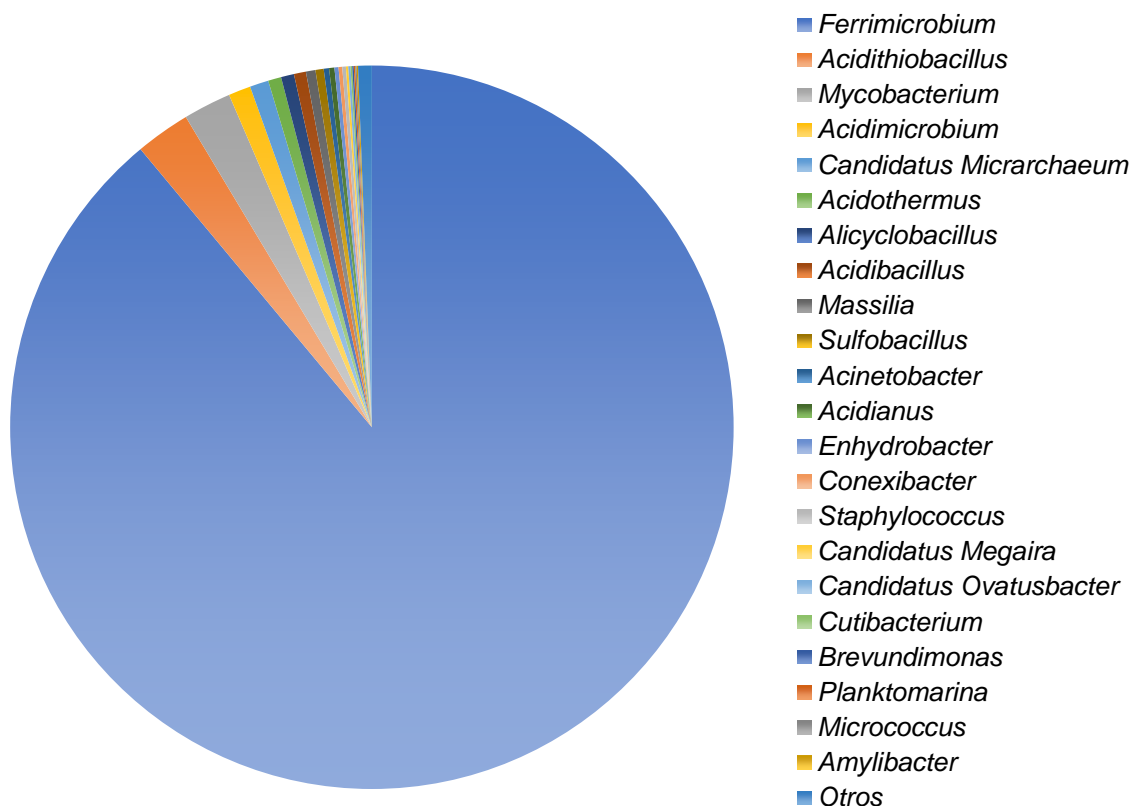


Figura 24. Gráfico circular que muestra los géneros más abundantes identificados en la región de BT en LA. Todos los taxones que no fueron identificados al nivel taxonómico familiar o superior no están incluidos.

Tabla 11. Identificaciones a nivel de especie encontradas en la región de BT en LA.

Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Especie identificada	Secuencias
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Acinetobacter schindleri</i>	97
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Alicyclobacillales	Alicyclobacillaceae	<i>Alicyclobacillus acidocaldarius</i>	11
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Anoxybacillus flavithermus</i>	21
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus thermoamylovorans</i>	11
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Staphylococcales	Staphylococcaceae	<i>Staphylococcus saprophyticus</i>	19
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Kocuria palustris</i>	9
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Stappiaceae	<i>Pannonibacter phragmitetus</i>	8

Tabla 12. Identificaciones a nivel de género encontradas en la región de MM, en LA.

Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Género	Secuencias
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Thiomonas</i>	5035
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Acidisoma</i>	4765
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Acidocella</i>	3698
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Rhodanobacteraceae	<i>Metallobacterium</i>	3181
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Rhodanobacteraceae	<i>Rhodanobacter</i>	3074
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Acidiphilium</i>	3065
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Acidithiobacillales	Acidithiobacillaceae	<i>Acidithiobacillus</i>	1981
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Alicyclobacillales	Alicyclobacillaceae	<i>Alicyclobacillus</i>	1689
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Alicyclobacillales	Alicyclobacillaceae	<i>Acidibacillus</i>	1207
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	<i>Acidobacterium</i>	1107
Bacteria	Actinobacteriota	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	Acidimicrobiaceae	<i>Acidithrix</i>	709
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	601
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Microbacteriaceae	<i>Curtobacterium</i>	499
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Gammaproteobacteria	ND	<i>Acidibacter</i>	322
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	<i>Acidicapsa</i>	280
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	<i>Granulicella</i>	269
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	<i>Occallatibacter</i>	234
Bacteria	Acidobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Microbacteriaceae	<i>Leucobacter</i>	210
Bacteria	Actinobacteriota	Acidimicrobiia	Acidimicrobiales	Acidimicrobiaceae	<i>Ferrithrix</i>	174
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	131
Bacteria	Nitrospirota	Leptospirillia	Leptospirillales	Leptospirillaceae	<i>Leptospirillum</i>	115
Bacteria	Spirochaetota	Spirochaetia	Spirochaetales	Spirochaetaceae	<i>Spirochaeta</i>	67
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	<i>Acidipila</i>	60
Bacteria	Armatimonadota	Chthonomonadetes	Chthonomonadales	Chthonomonadaceae	<i>Chthonomonas</i>	59
Bacteria	Thermotogota	Thermotogae	Mesoaciditogales	Mesoaciditogaceae	<i>Mesoaciditoga</i>	58
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Paracaedibacterales	Paracaedibacteraceae	<i>Ca. Paracaedibacter</i>	47
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sulfuricellaceae	<i>Ferritrophicum</i>	44
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	<i>Terriglobus</i>	34
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	24
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Legionellales	Legionellaceae	<i>Legionella</i>	22
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Solibacterales	Solibacteraceae	<i>Ca. Solibacter</i>	18
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Alcaligenaceae	<i>Bordetella</i>	14
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Roseiarcus</i>	12
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Rhodocyclaceae	<i>Sulfuritalea</i>	12
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Massilia</i>	11
Bacteria	Patescibacteria	Parcubacteria	ND	ND	<i>Ca. Kaiserbacteria</i>	9
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Sporolactobacillaceae	<i>Pullulanibacillus</i>	9
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiaceae	<i>Burkholderia</i>	8
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium magnum</i>	8
Bacteria	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacterales	Sulfurimonadaceae	<i>Sulfurimonas</i>	8
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sulfurimonadaceae	<i>Sulfuriferula</i>	7
Bacteria	Patescibacteria	Parcubacteria	ND	ND	<i>Ca. Moranbacteria</i>	7
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Rhodocyclaceae	<i>Ferribacterium</i>	6
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Microbacteriaceae	<i>Herbiconiux</i>	6
Bacteria	Aquificota	Aquificae	Aquificales	Aquificaceae	<i>Hydrogenobacter</i>	5
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	<i>Mycobacterium</i>	5
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Acidothermaceae	<i>Acidothermus</i>	4
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacteriales	Dietziaceae	<i>Dietzia</i>	4
Bacteria	Aquificota	Aquificae	Hydrogenothermales	Hydrogenothermaceae	<i>Sulfurihydrogenibium</i>	4

Bacteria	Bdellovibrionota	Bdellovibrionia	Bacteriovorales	Bacteriovoraceae	<i>Bacteriovorax</i>	3
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriotae	Acidobacteriales	Koribacteraceae	<i>Ca. Koribacter</i>	3
Bacteria	Desulfobacterota	Syntrophobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophobacteraceae	<i>Desulfovirga</i>	3
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Diplorickettsiales	Diplorickettsiaceae	<i>Aquicella</i>	2
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Amoebophilaceae	<i>Ca. Amoebophilus</i>	2
Bacteria	Firmicutes	Desulfitobacteriia	Desulfitobacterales	Desulfitobacteriaceae	<i>Desulfosporosinus</i>	2
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Rhodanobacteraceae	<i>Dyella</i>	2
Bacteria	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	Opitutales	Opitutaceae	<i>Lacunisphaera</i>	2
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	<i>Paludibacter</i>	2
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Micropepsales	Micropepsaceae	<i>Rhizomicrobium</i>	2
Bacteria	Desulfobacterota	Syntrophobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophobacteraceae	<i>Syntrophobacter</i>	2

*ND=No determinado

Tabla 13. Especies identificadas en las muestras de MM, en LA.

Dominio	Phylum	Clase	Orden	Familia	Especie identificada	Secuencias
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Acidithiobacillales	Acidithiobacillaceae	<i>Acidithiobacillus thiooxidans</i>	25
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Alicyclobacillales	Alicyclobacillaceae	<i>Alicyclobacillus acidoterrestris</i>	148
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium magnum</i>	8

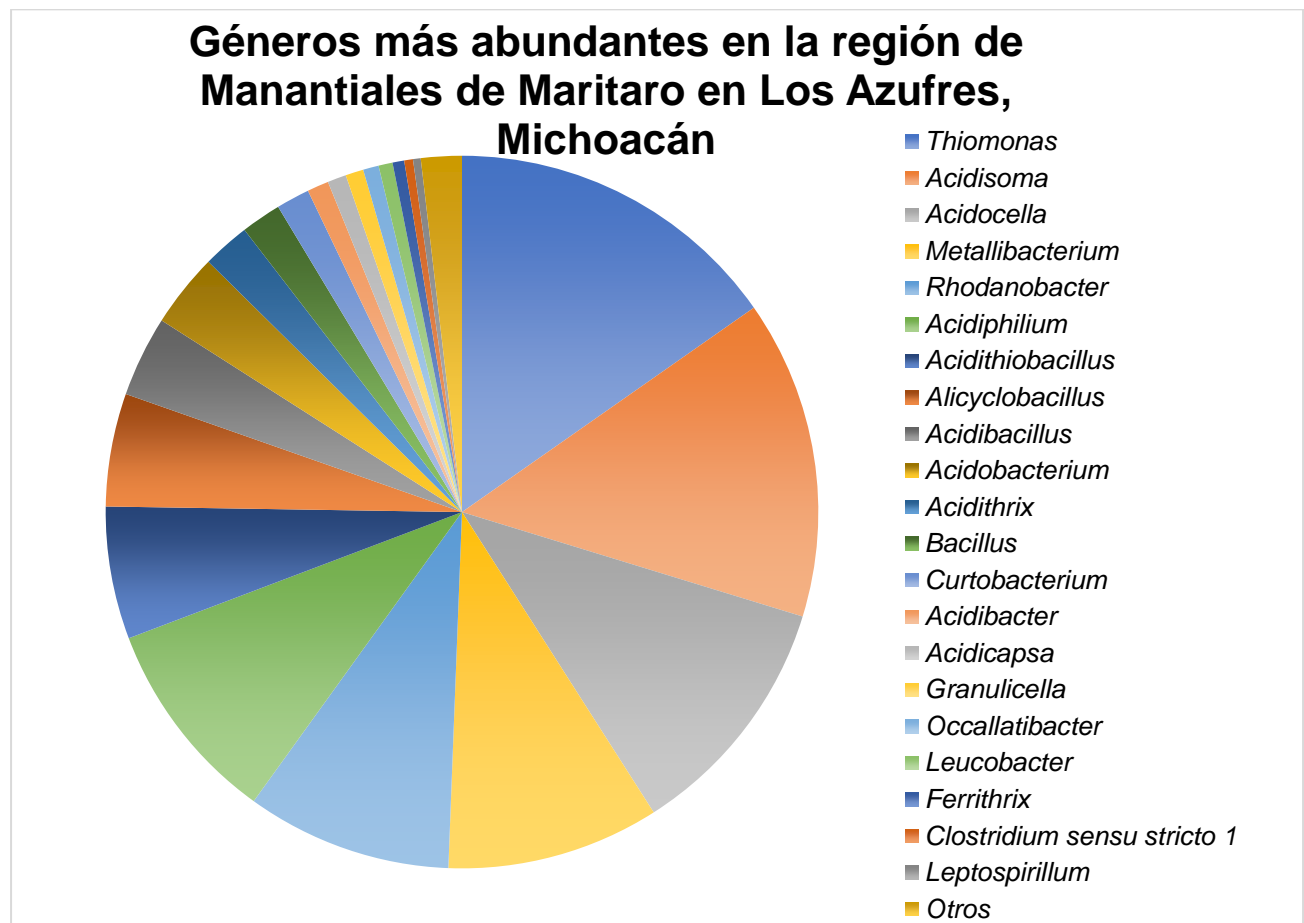


Figura 25. Gráfico circular que muestra los géneros más abundantes identificados en la región de MM. Todos los taxones que no fueron identificados al nivel taxonómico familiar o superior no están incluidos.

Árbol filogenético

El árbol filogenético se llevó a cabo en conjunto para ambas muestras (MM y BT), siendo notoria una mayor diversificación para los filos: Proteobacteria, Acidobacteriota, Actinobacteriota y Firmicutes con una mayor representación de grupos taxonómicos en ambos casos (Figura 26).

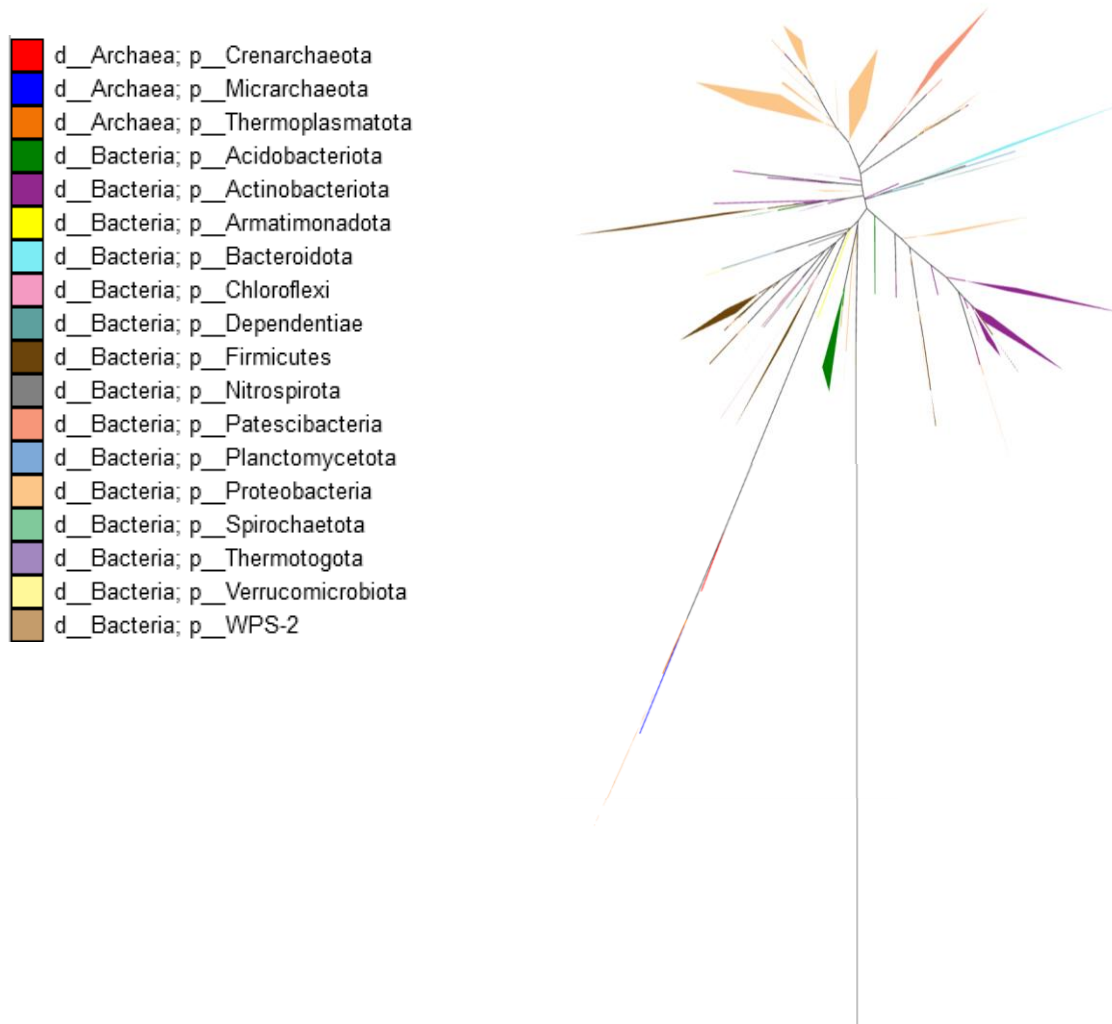
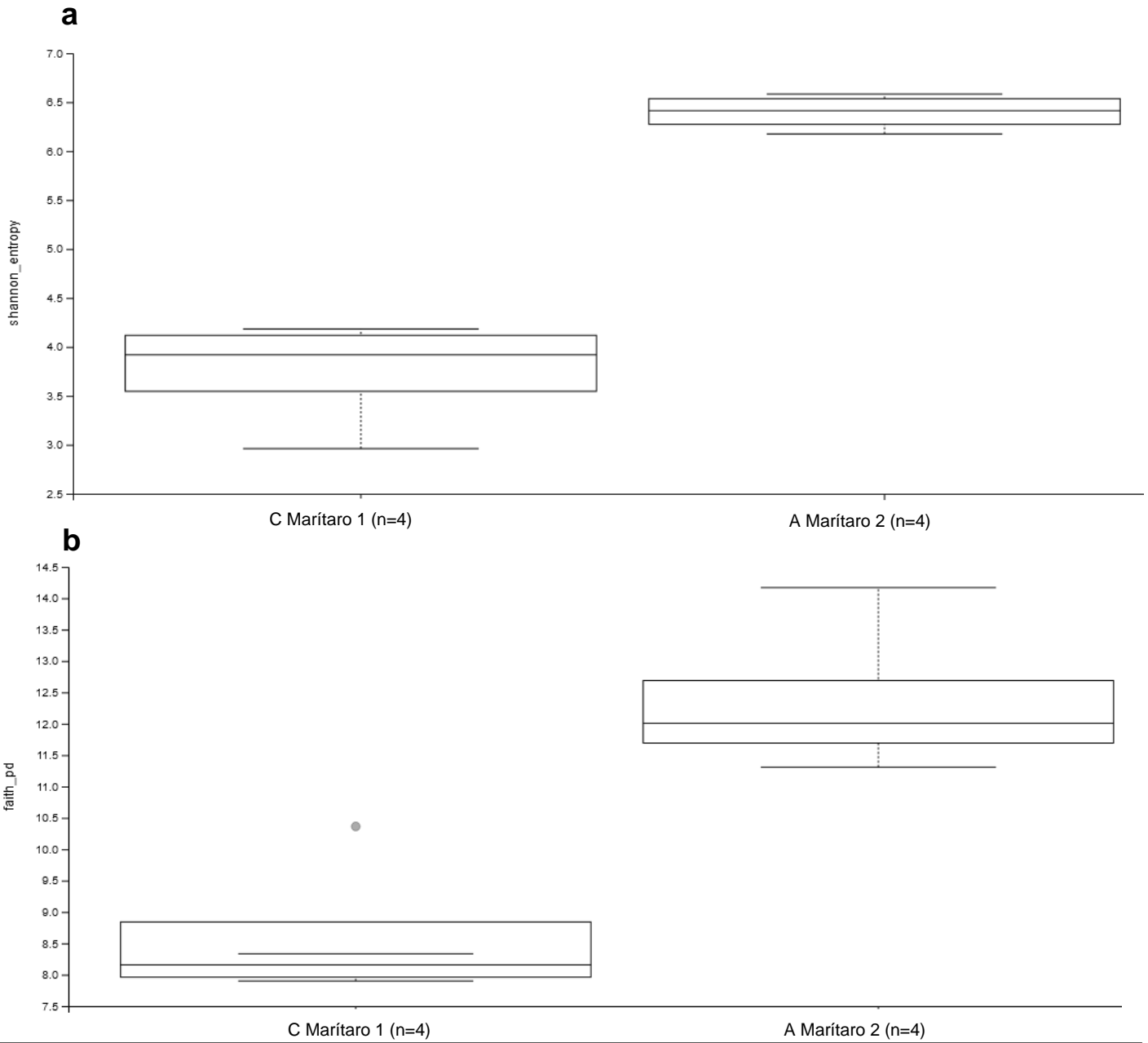


Figura 26. Árbol filogenético basado en secuencias bacterianas ribosomales 16S, de las dos muestras analizadas de LA (MM y BT), utilizando el algoritmo Fast Tree con 1000 bootstrap.

Análisis de Diversidad y abundancia diferencial

Los análisis de diversidad alfa, resaltan una diferencia significativa entre las muestras de MM y BT, con un mayor diversidad para las muestras de MM y una menor diversidad en las muestras de BT (Figura 27). Esto se observa en la distribución de grupos taxonómicos de las figuras 20 y 21, donde a simple vista, hay una distribución más homogénea en el caso de las muestras MM, mientras que en las muestras BT, casi toda la abundancia relativa está representada por un solo grupo, mismo patrón se observa a nivel de clase (Figuras 22 y 23).



Result		H	p-value	q-value
H		5.333333333333329		
p-value			0.020921335337794052	
Group 1	Group 2	H	p-value	q-value
Marítaro1 (n=4)	Marítaro2 (n=4)	5.333333	0.020921	0.020921

Figura 27. Análisis de diversidad alfa de bacterias en dos distintas muestras de LA. Los resultados de la prueba de Kruskal-Wallis indica diferencias significativas en las medidas de diversidad alfa de muestras entre sitio para ambos: a) índice de Shannon y b) índice de Faith (*P=0.05).

La diversidad beta se analizó por medio del método UniFrac ponderado, el cual mostró una clara agrupación de las muestras del mismo sitio (Figura 28). Este método mide las distancias filogenéticas compartidas entre los taxones presentes en las muestras, así como sus correspondientes abundancias relativas.

Para los análisis de abundancia diferencial, se utilizó el método de ANCOM, el cual se emplea para testear si existen taxones diferencialmente abundantes entre diferentes grupos de estudio. El análisis estadístico se aplicó a la composición taxonómica a nivel de género, encontrando que los taxones diferencialmente abundantes entre las muestras son el género *Ferrimicrobium* y una bacteria no identificada a nivel de género, de la clase Acidimicrobiia (Figura 29).

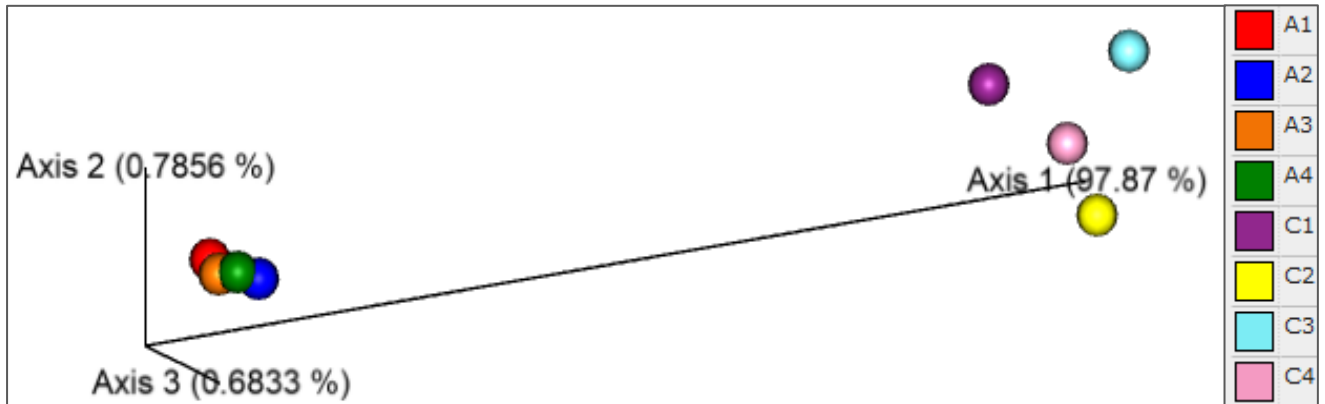


Figura 28. Gráfico de coordenadas principales (PCoA 2D) visualizado con la herramienta Emperor, muestra las distancias entre los grupos de diversidad beta por sitios. El análisis PERMANOVA probó que existe una diferencia significativa de las métricas ponderadas de UniFrac entre los dos distintos sitios de LA estudiados: Manantiales de Marítaro (A) y Balnearios termales (C).

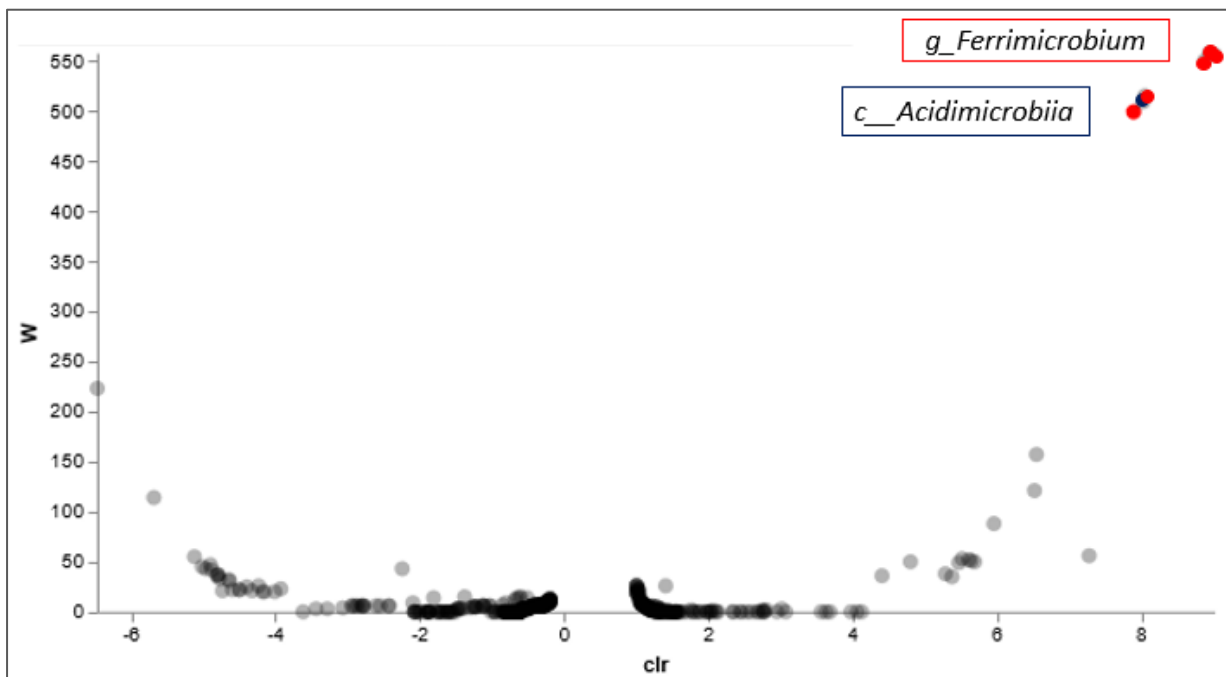


Figura 29. Análisis de composición del microbioma con el método ANCOM. Gráfico Volcano generado en el resumen del Test de ANCOM, donde se representa el valor del estadístico W en el test para cada género, frente al F-score.

8. DISCUSIÓN

Tierra Caliente, Michoacán y el Gran Desierto de Altar, Sonora

Composición bacteriana

Las condiciones ambientales de TC y del Gran Desierto de Altar, Sonora, como temperaturas extremosas y baja humedad a lo largo del año pueden generar una presión selectiva para los organismos del suelo, sobre todo de los sedimentos más superficiales en contacto con la elevada insolación y radiación. Muchos de los microorganismos extremófilos de ambientes desérticos (xerófilos) desaparecen después del uso agrícola del suelo (Köberl *et al.*, 2011) o cambian su composición cuando habitan en suelo asociado a rizósfera de plantas en estos ambientes (Ding *et al.*, 2013); debido a esto, se decidió estudiar la composición microbiana en suelo desprovisto de vegetación y de la región más superficial del horizonte del suelo, apenas a 1cm de profundidad.

Dentro de los filos bacterianos predominantes en las muestras de TC y DA se encuentran Actinobacteriota, conocido por ser dominante en ambientes áridos en todo el mundo; éste tiene una gran capacidad de esporulación, amplia capacidad metabólica, ventajas competitivas y múltiples mecanismos de reparación de daño por luz UV (Chater y Chandra 2006; Ventura *et al.*, 2007), mientras que ciertas Firmicutes como *Bacillus* y *Paenibacillus*, encontradas en TC, DA y CS, pueden formar endosporas que facilitan la supervivencia en condiciones desecantes. Por otro lado, Bacteriodota es otro de los grupos más abundantes en suelos desérticos, a pesar de que los miembros de este filo prefieren ambientes ricos en nutrientes (Fierer *et al.*, 2007). Y por último Proteobacteria, un filo de bacterias capaces de conferir capacidad fotosintética a otros grupos bacterianos, por medio de transferencia horizontal de genes (Zeng *et al.*, 2014), lo cual es relevante para la productividad primaria en estos ecosistemas áridos.

También se identificaron dos filos de arqueas; Thermoplasmatota en TC y en DA, así como Crenarchaeota en TC. *Candidatus Nitrososphaera* es una especie del filo Crenarchaeota que ha sido previamente reportada en suelo salino-alcálico en regiones áridas (Nan *et al.*, 2020). Esta especie también fue identificada en el presente estudio en TC, región caracterizada por presentar principalmente suelo de tipo regosol, un tipo de suelo pobremente desarrollado, particularmente común en regiones áridas y semiáridas (González, 2012).

Por otro lado, Thermoplasmatota es un filo de arqueas metanógenas que se ha encontrado en ambientes de suelos de turba junto a filos como Euryarchaeota y Halobacterota (Bräuer *et al.*, 2020). Thermoplasmatota es también una de las dos arqueas planctónicas más abundantes en el mar, al lado de Thaumarchaeota (Li *et al.*, 2021). Crenarchaeota y Thermoplasmatota fueron también las arqueas dominantes en un estudio de sedimento en una cueva kárstica de China, analizados por medio de secuenciación de alto rendimiento 16S rRNA (Ai *et al.*, 2021), por lo que estos dos filos de arqueas encontradas en el presente trabajo, en Tierra Caliente, están distribuidos en una amplia variedad de ambientes.

Además de las muestras de arena y sedimento desértico, se analizaron muestras de CS en el Gran Desierto de Altar, en las cuales la abundancia de bacterias y arqueas fue aproximadamente del 50 y 50%. El único filo identificado de arqueas fue Halobacterota, mientras que, los filos

bacterianos más abundantes fueron: Firmicutes, Bacteroidota, Proteobacteria y Actinobacteria, concordando con los filos predominantes en ambientes áridos del mundo y con las muestras de DA y TC.

Halobacterota es un filo de arqueas altamente halófilas; en un estudio reciente se identificó este filo de arqueas en muestras superficiales de 0-60cm en sedimento del desierto de Atacama, junto a los filos Deinococcota y Latescibacterota (Fuentes *et al.*, 2022). También se identificó la presencia de este filo en suelo de turba (Bräuer *et al.*, 2020) y en suelos agrícolas cercanos a zonas mineras con alto contenido de metales pesados y contaminación severa de cadmio, también junto a filos como Crenarchaeota (Li *et al.*, 2021).

Dentro de los géneros identificados en TC y en las DA, Figuraron algunas de las bacterias más conocidas en ambientes áridos, como *Rubrobacter*, *Microvirga* y *Deinococcus*, tres de los géneros de bacterias más resistentes a radiación ionizante (Ferreira *et al.*, 2000). *Geodermatophilus*, *Paenibacillus*, *Bacillus*, *Solirubrobacter* y *Nocardioides* son otros géneros ampliamente reportados en ambientes áridos por ser altamente resistentes a la radiación (Bahl *et al.*, 2011 y Lacap *et al.*, 2011), todos ellos encontrados en los tres tipos de muestras de sedimento desértico estudiadas.

En TC destacan 5 identificaciones específicas del género *Paenibacillus*: *P. crassostreae*, *P. ehimensis*, *P. mucilaginosus*, *P. beijingensis* y *P. validus*. Una cepa de este género, *Paenibacillus* sp. JZ16 es una bacteria endofítica de raíz móvil, Gram positiva, en forma de bastón, de la planta halófila pionera del desierto *Zygophyllum simplex*. En un estudio reciente, se demostró que esta cepa promueve la tolerancia al estrés por salinidad en *Arabidopsis thaliana* (Eida *et al.*, 2020). Otras especies, como *Paenibacillus harenae* (Jeon *et al.*, 2009) y *Paenibacillus gansuensis* (Lim *et al.*, 2006) fueron aisladas de arena del desierto de muestras de la provincia de Gansu, en China.

La presencia de *Bacillus subtilis* en TC fue otro hallazgo importante; esta especie es cosmopolita y puede viajar por todo el mundo a través de tormentas de polvo que se elevan desde varios desiertos, pues es muy común que esta bacteria se encuentre a menudo en estos ambientes (Roberts y Cohan, 1995). *B. subtilis* ha sido estudiada además, debido a la capacidad de sus esporas de resistir condiciones espaciales y simuladas de Marte (Schuerger *et al.*, 2003) así como radiaciones de hasta 13 kGy (Rainey *et al.*, 2005); por lo que es una especie de importancia en investigación astrobiológica, sobre todo en proyectos y misiones de viajes espaciales, para conocer y evitar los riesgos de contaminación hacia otros cuerpos planetarios. En las muestras de DA y CS del Gran Desierto de Altar, Sonora, también fueron identificadas especies de este género.

También encontramos géneros menos conocidos, como la bacteria del género *Aridibacter*, encontrada en suelo árido africano (Huber *et al.*, 2017) y suelo de sabana semiárida (Huber *et al.*, 2014), del cual se conocen ya algunas especies recientemente caracterizadas. *Truepera* un género perteneciente al orden Deinococcales, es conocido por su capacidad de crecer en múltiples condiciones extremas en hábitats alcalinos, moderadamente salinos y de alta temperatura y una especie en particular *T. radiovictrix* también es notablemente resistente a la

radiación ionizante, una característica que comparte con los miembros del género *Deinococcus* (Ivanova *et al.*, 2011).

Brevibacillus, otro género identificado en el presente trabajo, fue aislada y caracterizada por primera vez de los suelos del Gran Desierto Indio, debido a una quitinasa termoestable que se encontró en este género (Meena *et al.*, 2014). Este hallazgo enfatiza la importancia de estos microorganismos extremófilos para descubrir nuevos metabolitos y con potenciales aplicaciones biotecnológicas.

Cyanobacteria es otro filo ampliamente distribuido en desiertos alrededor del mundo, de este grupo taxonómico, géneros como *Nostoc* y *Chroococcidiopsis* son objeto de estudios dirigidos a la comprensión de la tolerancia a la desecación (Potts, 1999). De estos dos géneros, en el presente trabajo se identificó a *Chroococcidiopsis* en TC; género fotosintético dominante en los hábitats desérticos tanto fríos como cálidos, extremadamente áridos (Billi *et al.*, 2001).

Chroococcidiopsis suele vivir en los espacios aéreos de rocas porosas o en fisuras microscópicas de rocas erosionadas o formar biopelículas en la interfase piedra-suelo en el desierto (Friedmann, 1993), sin embargo, en el presente trabajo fue identificado en muestras de sedimento desprovisto de vegetación en TC. Un mecanismo interesante compartido por los microorganismos resistentes a la sequía, es la acumulación de trehalosa y sacarosa, dos azúcares no reductores que reemplazan el agua estructural de los componentes celulares, evitando así el daño letal durante el secado (Crowe *et al.*, 1997). La producción de estos dos compuestos ha sido reportada por varias cianobacterias, incluyendo *Chroococcidiopsis*, por lo que podría ser uno de sus principales mecanismos de resistencia a la escasez de agua, condición presente en TC (Hershkovitz *et al.*, 1991). Además de esto, se ha visto que especies de Cyanobacterias como *Chroococcidiopsis*, son capaces de transferir genes a otras bacterias, confirmando algunas capacidades de resistencia a la desecación con ellos, por lo cual podría tener un efecto positivo en la comunidad, ayudando a la supervivencia de otras especies bajo estas condiciones inhóspitas (Billi *et al.*, 2001). Esto último, implicaría una cooperación interespecífica que podría estar implicada en la gran diversidad encontrada en esta región en el presente trabajo.

Kocuria es un género bacteriano diverso que incluye especies radiorresistentes para las cuales actualmente sólo se dispone de información experimental y genómica limitada. Además de las cepas resistentes a los rayos ultravioleta (UV) como *K. rosea* (Gholami *et al.*, 2015) el género *Kocuria*, ha demostrado capacidad para sobrevivir en condiciones extremas, como radiación gamma, desecación y alta concentración de peróxido de hidrógeno (Guesmi *et al.*, 2021).

Otros géneros encontrados en este tipo de ambientes es *Nocardia*, un género del cual se ha reportado una cepa, *Nocardia Soli* Y48, aislada de suelo contaminado con petróleo crudo en la meseta tibetana de Qinghai, así como *Nocardia mangyaensis* aislada de la cuenca de Qaidam, una región desértica del norte, también de la meseta tibetana, que degradan casi todos los componentes del petróleo crudo (Yang *et al.*, 2019). Por otro lado, *Methylobacterium populi* YC-XJ1 una cepa aislada también de suelo desértico ha demostrado tener la capacidad de degradar algunos herbicidas de ésteres de ácido oxifenoxipropiónico aromático, ésteres de ftalato, retardantes de llama organofosforados, clorpirifos y foxim (Li *et al.*, 2020). Debido a esto, estos

dos géneros presentes en TC (Tabla 3) podrían ser candidatos prometedores para procesos de biorremediación de sitios contaminados por estos compuestos.

Aeromicrobium es un género que también se ha aislado de ambientes desérticos, como el desierto de Turpan (Yan *et al.*, 2016) así como en la meseta semiárida de Loes en China, junto a géneros como *Pseudonocardia* y bacterias de la familia Rhodobacteraceae también presentes en este estudio (Hao *et al.*, 2017). De esta familia, el género *Rhodococcus* es también muy común en regiones áridas tanto cálidas (Mayilraj *et al.*, 2006) como frías (Röttig *et al.*, 2020) por todo el mundo, y se ha logrado aislar junto a géneros como *Streptomyces*, *Mycobacterium* y *Nocardia*, también identificados en las DA de Sonora y en TC.

En TC, sólo dos arqueas fueron identificadas; una del filo Thermoplasmatota, del género *Marine Group II*, que también se identificó en muestras de DA y una identificación del género *Candidatus Nitrososphaera*, una arquea oxidante de amoníaco del filo Thaumarchaeota, un grupo ampliamente distribuido (Spang *et al.*, 2012), que se ha detectado en suelos de desiertos cálidos como el Desierto de Mojave, California y Desierto de Chihuahua, Nuevo México (Fierer *et al.*, 2012).

En las CS del Gran Desierto de Altar, 14 géneros del orden Halobacterales fueron identificados, de entre ellos: *Halorubrum*, *Natronorubrum*, *Natronomonas*, *Natronoarchaeum* y *Halohasta* han sido identificadas en lagos hipersalinos, tanto en desiertos cálidos de Irán y China (Naghoni *et al.*, 2017 ; Yin *et al.*, 2020 y Xue *et al.*, 2021), como en desiertos fríos de la Antártica (Tschitschko *et al.*, 2016 y Williams *et al.*, 2017) y *Haloterrigena*, una arquea halófila y tolerante al perclorato previamente aislada de halita en el desierto de Atacama en Chile (Flores *et al.*, 2020) y de costras de sal subterráneas en una mina (Chen *et al.*, 2019) y un lago salino en China (Liu *et al.*, 2022). También el género *Haloparvum* ha sido previamente identificado en costras de sal en un desierto Africano (Bachran *et al.*, 2019) en condiciones similares a las halladas en las CS del Gran Desierto de Altar, Sonora.

Las arqueas más frecuentemente encontradas en ambientes extremos en temperatura y con elevada radiación, corresponden a los géneros *Pyrococcus* (DiRuggiero *et al.*, 1997), *Thermococcus* (Jolivet *et al.*, 2004) y *Halobacterium* no encontradas en el presente estudio. La limitada diversidad de arqueas en las muestras de TC y DA puede deberse a que los oligos utilizados en la amplificación de las regiones V3-V4 del gen ribosomal 16S, son específicos para bacterias, lo cual disminuye la probabilidad de identificar arqueas. Para este estudio, a pesar de que, el objetivo no era estudiar la diversidad de arqueas presentes en las muestras, se encontró una gran abundancia de éstas en las muestras de CS, por lo cual, un estudio posterior, enfocado a estudiar la diversidad de arqueas en estas regiones, sería importante.

Árboles Filogenéticos

Los árboles filogenéticos de las distintas muestras de desiertos analizadas, mostraron concordancia; con una mayor diversificación de los filios bacterianos, que según se reporta, están ampliamente distribuidos en ambientes áridos. Estos filios bacterianos fueron: Actinobacteriota, Bacteroidota, Firmicutes y Proteobacteria. La capacidad de estos filios bacterianos para sobrevivir y adaptarse a una amplia variedad de ambientes, coincide con la gran cantidad de taxones de

estos filos que estuvieron presentes en TC, DA y CS. Actinobacteriota con 73 géneros distribuidos en 5 clase, Bacteroidota con 34 géneros de una sola clase, Firmicutes con 51 géneros pertenecientes a 3 clases y Proteobacteria con 92 géneros distribuidos en dos clases; en las muestras analizadas.

Uno de los filos con mayor número de representantes, fue Actinobacteria. Los miembros este filo están ampliamente distribuidos en diferentes entornos ecológicos, incluidos hábitats extremos de ecosistemas acuáticos y terrestres (Qin *et al.*, 2011 y Goodfellow *et al.*, 2018). En comparación con las actinobacterias de hábitats templados, la estructura de la comunidad, la diversidad, las actividades biológicas y los mecanismos de adaptación ambiental de esas actinobacterias extremas son relativamente poco estudiados. Estas actinobacterias representan un área de oportunidad para estudiar a profundidad, pues son fuentes potenciales de metabolitos para su explotación en medicina, agricultura e industria; además éstas son las principales productoras de fármacos derivados de microbios (Barka *et al.*, 2015).

Diversidad

La diversidad alfa se estimó por medio de dos índices, el índice de Shannon y el índice filogenético de Faith. Se encontró una diferencia significativa entre la diversidad bacteriana de TC y de DA del desierto de Altar con las CS del Desierto de Sonora (*P=0.05), teniendo éstas últimas muestras una menor diversidad. Las distintas condiciones de las muestras pueden ser un factor clave en estas diferencias de diversidad, las elevadas concentraciones de sal en las muestras de CS pueden estar seleccionando sólo a aquellos pocos taxones con capacidad de estar presentes en condiciones tan inhóspitas. Dos de los taxones que ocuparon casi el 50% de la abundancia relativa de las identificaciones a nivel de género en estas muestras (CS) fueron *Natronococcus* y *Halalkalicoccus*, arqueas altamente halófilas que se han encontrado en ambientes salinos de suelo y cuerpos de agua.

A pesar de que muchas bacterias conocidas y reportadas en desiertos del mundo que fueron identificadas en las muestras de sedimento árido de TC, DA y CS, la mayoría de las bacterias que aquí se reportan, son poco estudiadas y no han sido identificadas en otras regiones áridas; un ejemplo es *Dongia*, un género bacteriano mesófilo presente en sitios como suelo de regiones templadas y agua dulce, con crecimiento óptimo a 37° de temperatura y a pH neutro (Kim *et al.*, 2016). Un estudio metagenómico completo, sería de gran utilidad para descubrir los genes implicados en la supervivencia de estos microorganismos en estos ambientes extremos, y nos permitiría inferir más, acerca de lo que están haciendo y cómo se comportan, los ciclos biogeoquímicos implicados en sus metabolismos y sus relaciones interespecíficas.

Los Azufres, Michoacán

Composición bacteriana

Géneros bacterianos pertenecientes a los filos Proteobacteria, Actinobacteriota, Acidobacteriota y Firmicutes, fueron identificados en MM y en BT. En las muestras MM se encontraron dos especies del género *Metallibacterium*, también reportado por Bolívar-Torres (2021) en la región de MM, en LA. Bacterias del género *Metallibacterium* han demostrado una adaptación a diversos

ambientes con valores de pH variables. El crecimiento en biofilms o sedimentos también parece ser un rasgo común, que se piensa, está relacionado con su capacidad de adaptarse a diferentes valores de pH a través de la formación de micro-nichos de pH (Bartsch *et al.*, 2017), lo cual explicaría su presencia en LA, donde se presentan valores de pH variables entre regiones cercanas.

Otro género encontrado en el presente estudio es *Acidocella*, género que comprende un extenso grupo de bacterias gramnegativas aeróbicas, acidófilas que pertenecen a la clase Alphaproteobacteria (Kishimoto *et al.*, 1995). Se han identificado taxones cercanos filogenéticamente a *Acidocella* tanto en ambientes de drenaje de minas naturales como ambientes ácidos que exhiben altos niveles de metales pesados (Johnson *et al.*, 2001, Hallberg *et al.*, 2006, Lear *et al.*, 2009 y Lu *et al.*, 2010). Además, Servín-Garcidueñas y colaboradores en 2013, secuenciaron el genoma de una cepa de *Acidocella* sp MX-AZ02 de los LA, la cual se descubrió, que codifica anhidrasas carbónicas, que pueden proporcionar un medio para hacer frente a los bajos niveles de CO₂ en aguas ácidas.

Uno de los taxones más abundantes en las muestras de BT, fue el género *Ferrimicrobium*, conocido por ser oxidante del hierro. Este género ha sido aislado de ambientes como minas de pirita en el norte de Gales, Reino Unido (Johnson *et al.* 2009), hasta del microbioma de Parys Mountain (Anglesey, Reino Unido). *Ferrimicrobium* ha sido encontrada principalmente en sitios de desechos ácidos de minas, en algunos casos junto a otros géneros como *Acidocella*, *Acidithiobacillus* y *Leptospirillum* (Sheng *et al.*, 2016), géneros también encontrados en el presente estudio. Además, también se encontró este género en LA en estudios previos, aunque no en una abundancia tan alta como en el presente trabajo (Bolívar-Torres, 2021).

Brito y colaboradores en 2014 también encontraron un predominio de bacterias implicadas en los ciclos biogeoquímicos del azufre y el hierro (*Rhodobacter*, *Acidithiobacillus*, *Thiomonas*, *Desulfurella* y *Thermodesulfobium*). Anteriormente se habían detectado concentraciones altas de hierro en algunos microambientes del campo geotérmico de LA, y en estudios metagenómicos subsecuentes, se identificaron genes transportadores de hierro en el genoma de Arqueas Sulfolobales (Servín-Garcidueñas, 2015). Así como ATPasas de transporte de metales pesados y otros genes de resistencia a cobalto/zinc y cadmio (Servín-Garcidueñas, 2015).

En MM, en estudios previos, también se detectaron genes involucrados en mecanismos de incorporación y oxidación de hierro, por lo que es evidente la importancia de este tipo de rutas en ambientes hidrotermales (Bolívar-Torres, 2021) y concuerda con la presencia en tan alta abundancia de una especie con este tipo de metabolismo.

En el presente trabajo *Ferrimicrobium* y estas otras bacterias detectadas, podrían estar utilizando elementos como el hierro y el azufre en su metabolismo, como parte de sus funciones en el ecosistema. Sin embargo una medición de los parámetros fisicoquímicos y de la presencia de estos elementos en las muestras, serían necesarias para corroborarlo.

Por otro lado, y aunque el objetivo central del presente proyecto es estudiar la composición bacteriana, la omisión de los filtros de secuencias de arqueas de las muestras, permitió identificar algunos géneros pertenecientes a los phyla Micrarchaeota (*Candidatus Micrarchaeum*), Crenarchaeota (*Acidianus*) y Thermoplasmata (*Ferroplasma*). El arquea del género *Acidianus*,

reportada en el presente trabajo, ya había sido encontrada en una solfatara ácida en LA, con una identificación a la cepa *A. infernus* (Servín-Garcidueñas, 2015), además ha sido ampliamente reportada como una arquea termofílica extremadamente acidófila y se han aislado especies de este género de solfataras ácidas en campos geotérmicos continentales (Plumb *et al.*, 2007 y Bertran *et al.*, 2020).

Nuevas identificaciones

Además de los grupos taxonómicos consistentes con estudios previos, encontramos 84 nuevos géneros no reportados previamente en LA. De estos géneros, algunos ya han sido encontrados en ambientes hidrotermales similares, entre los que destacan *Acidicapsa*, previamente aislado de aguas ácidas ricas en metales (Falagán *et al.*, 2017), *Tepidiphilus* aislado de una fuente termal en India (Poddar *et al.*, 2016), *Chthonomonas* aislado de aguas termales ácidas con alto contenido de arsénico (Jiang *et al.*, 2016), *Alteromonas* aislada de un respiradero hidrotermal de aguas profundas (Jin *et al.*, 2018) y ambientes marinos (Gago *et al.*, 2021), *Sulfuritalea* identificada en aguas termales alcalinas, en la India (Panda *et al.*, 2016), *Sulfurimonas* y *Sulfuriferula* bacterias oxidantes de azufre que se distribuyen globalmente, pero predominan especialmente en ambientes hidrotermales de aguas profundas (Wang *et al.*, 2021 y Arce-Rodríguez *et al.*, 2019), *Roseiflexus* identificada en las aguas termales de Yellowstone (Van Der Meer *et al.*, 2010), *Schlegelella* bacteria termófila aislada de una fuente termal ubicada Taiwán (Chou *et al.*, 2006) *Flavobacterium* aislado de agua de manantial termal en Assam, India (Saha y Chakrabarti, 2006) y *Paracoccus* aislado de sistemas hidrotermales de aguas poco profundas frente a la isla Kueishantao (Ye *et al.*, 2020).

Otro género ampliamente estudiado y distribuido en sitios termales en todo el mundo es *Anoxybacillus*; especies de este género han sido reportadas y aisladas de regiones geotérmicas en Turquía (Cihan, 2013), de sedimentos de una fuente termal en la caldera de Uzon, en Kamchatka, Rusia (Rozanov *et al.*, 2017), de aguas termales de la provincia de Yunnan en el suroeste de China (Zhang *et al.*, 2011), una fuente termal ubicada en el Tíbet, China (Khan *et al.*, 2018) de una fuente de agua geotérmica en Dolni Bogrov, Bulgaria (Atanassova *et al.*, 2008) y hasta de sedimento de ventilas hidrotermales de aguas profundas del Océano Pacífico Oriental (Cheng *et al.*, 2021). Además de su importancia como nuevos extremófilos descubiertos, muchas de sus enzimas termoestables han sido estudiadas por sus posibles aplicaciones biotecnológicas.

Existen ambientes geotérmicos distribuidos en todo el mundo. Un caso interesante son los manantiales geotérmicos del Himalaya a gran altitud y muy bajas temperaturas, donde también han sido identificadas comunidades microbianas. Ocho géneros encontrados en este trabajo, en LA, han sido reportados en este ambiente hidrotermal frío: *Enhydrobacter* (Mahato *et al.*, 2019), *Anoxybacillus*, *Bacillus*, *Brevundimonas*, *Burkholderia*, *Planococcus*, *Pseudomonas* y *Rhodanobacter* (Sahay *et al.*, 2017), de los cuales *Enhydrobacter* y *Planococcus* tampoco habían sido identificados en Los Azufres, anteriormente.

Otros dos géneros encontrados en LA, *Bdellovibrio* y *Bordetella* han sido aislados de una fuente termal del Himalaya a más de 95° altas concentraciones de arsénico, metales y CO₂ disuelto y un bajo potencial de O₂ (Sangwan *et al.*, 2015). Otra bacteria que no se había reportado antes en esta región es *Aquamicrobium*, bacteria que ha sido aislada de marea contaminada con

petróleo crudo (Jin *et al.*, 2013) y una cepa de *Aquamicrobium defluvii*, ha sido caracterizada como degradadora de hidrocarburos, psicrotolerante y halotolerante (Wang *et al.*, 2015). *Bacteriovorax* es un género que contiene una sola especie de bacteria en la familia Bacteriovoracaceae, *Bacteriovorax stolpii*. Es un depredador que se alimenta de bacterias Gram-negativas más grandes (Jayasimhulu *et al.*, 2007) tampoco se había reportado anteriormente en LA. Una bacteria del género *Ulvibacter*, *Ulvibacter antarcticus* ha sido aislada del agua de mar costero antártico (Choi *et al.* 2007) y *Ulvibacter marinus*, aislado del agua de mar costera del Mar Amarillo (Baek *et al.*, 2014).

Se ha reportado en diversos estudios que hidrocarburos y bacterias degradadoras de hidrocarburos se encuentran en las regiones hidrotermales de aguas profundas del mundo. De la región hidrotermal de la dorsal mesoatlántica sur se reporta que las bacterias degradadoras de hidrocarburos dominantes pertenecían a *Nitratireductor*, *Pseudonocardia*, *Brevundimonas* y *Acinetobacter* (Ma *et al.*, 2021). De entre estos géneros, *Brevundimonas* y *Acinetobacter* fueron identificadas en el presente estudio en LA, siendo el primero de estos géneros, un nuevo registro para esta región.

Una bacteria evolutivamente antigua de la clase Aquificales, del género *Sulfurihydrogenibium*, domina las comunidades microbianas filamentosas en sistemas de aguas termales poco profundos en todo el mundo (Dong *et al.*, 2019). *Sulfurihydrogenibium* es una bacteria oxidante de azufre extremadamente termófila, facultativamente heterótrofa identificada en sitios geotérmicos como el Parque Nacional de Yellowstone (Nakagawa *et al.*, 2005), una fuente termal islandesa (Flores *et al.*, 2008), aguas termales de Nakabusa, Japón (Kubo *et al.*, 2011), agua caliente del acuífero subterráneo en una mina de oro japonesa (Takai *et al.*, 2003), aguas termales terrestres en las Azores Portugal (Aguiar *et al.*, 2004) y en Geysir Valley y Uzon Caldera, en Kamchatka, Rusia (O'Neill *et al.*, 2008).

Otro género de interés que no se había reportado antes fue *Legionella*, reportada anteriormente en múltiples sitios de aguas termales en todo el mundo; principalmente usados como sitios turísticos y de recreación (Hsu *et al.*, 2006). Debido a que es una bacteria patógena causante de enfermedades como Legionaria o enfermedad de Legionario y fiebre de Pontiac, su prevalencia ha sido usada como parámetro para saber la calidad del agua en estos sitios (Huang *et al.*, 2006).

Análisis de diversidad

En las muestras MM, las abundancias entre géneros están más equitativamente distribuidas, lo cual determina una mayor diversidad alfa que en las muestras BT. En MM, el género sobresaliente es *Acidisoma* con poco menos de un 10% de la abundancia relativa, seguida por *Thiomonas* y *Acidithiobacillus* con aproximadamente un 7% y 5% respectivamente. Estos géneros ya han sido reportados en estudios previos realizados en el campo geotérmico de LA, por colegas de nuestro laboratorio, en muestras de manantiales de la región de MM (Bolívar-Torres, 2021).

Algunos autores mencionan que la diversidad de especies suele ser relativamente baja en ambientes termales, con uno o unos pocos microorganismos predominantes, (Nunoura *et al.*, 2011 y Nelson *et al.*, 2011) esto parece ocurrir en las muestras BT; sin embargo no parece

concordar con las muestras MM, que poseen una mayor diversidad, esto a pesar de que las condiciones más extremas se encuentran en MM, con 56°C y pH de 3.8.

Otros de los taxones más comúnmente encontrados dentro de los hábitats térmicos, incluyen organismos fotosintéticos como *Chlorobi*, *Chloroflexi* y *Cyanobacteria* (Swingley *et al.*, 2012 y Bhaya *et al.*, 2012) de los cuales en el presente estudio, sólo se encontró el filo *Chloroflexi*, con una abundancia baja en ambos tipos de muestras. El filo *Chloroflexi*, se ha encontrado además, como el más abundante de los fotótrofos anoxigénicos en otros ambientes similares (Martínez *et al.*, 2019), pero debido a que las muestras tomadas para este estudio no eran de sedimentos fotosintéticos, la abundancia de estos grupos fue escasa.

Se han detectado altas concentraciones de arsénico en distintas áreas geotérmicas del mundo (Armienta y Segovia, 2008). En LA previamente, se han identificado genes implicados en la resistencia a metales pesados como arsénico, cromo, mercurio y níquel, de metagenomas obtenidos de las regiones estudiadas en el presente estudio. *Aeromonas*, un género bacteriano con capacidad de reducción y resistencia al arsénico, fue identificado en el presente estudio en LA. Un análisis del genoma realizado por Min y colaboradores en 2021, sugiere que el sistema de resistencia al arsénico está ampliamente presente en el género *Aeromonas*, lo cual explica su presencia en el presente estudio.

Los ambientes hidrotermales han sido considerados durante mucho tiempo, como sitios potenciales del origen de la vida (Des Marais *et al.*, 2019). La presencia de volcanes y agua congelada en Marte se conoce desde la década de 1960 y se deduce que probablemente hubo fuentes termales en Marte cuando los volcanes estaban activos (Deamer y Georgiou, 2015). Por esta razón, los ambientes hidrotermales, son de gran interés en la Astrobiología; el estudio de las bacterias que los habitan, podría darnos indicios de cómo pudo haber sido o como podría ser la vida, en cuerpos planetarios distintos a la Tierra.

Aunque el objetivo del presente trabajo nunca fue realizar una comparación entre los diferentes ambientes, existen algunos géneros bacterianos que fueron identificados tanto en la región desértica de TC, como en la región del campo geotérmico de LA, en Michoacán. Géneros como: *Bdellovibrio*, *Blastococcus*, *Candidatus Koribacter*, *Corynebacterium*, *Kocuria*, *Methylobacterium*, *Micrococcus*, *Pseudarthrobacter*, *Roseiflexus*, *Rubellimicrobium*, *Solirubrobacter*, *Staphylococcus*, *Sulfurimonas* y *Syntrophobacter*. Los dos ambientes son muy distintos en condiciones; por un lado LA es un ambiente hidrotermal somero de pH ácido y mientras que TC es un ambiente desértico, con baja humedad. Estos microorganismos identificados en ambos sitios, son capaces de resistir las condiciones de temperaturas muy elevadas presentes en común, en ambos ambientes. *Kocuria*, por ejemplo, es un género del cual se ha documentado una resistencia extrema múltiple. Esta bacteria es alcalófila, mesófila y halotolerante con alta resistencia a la radiación UV-C y moderadamente resistente a la desecación (Gholami *et al.*, 2015). *Roseiflexus*, otro género compartido entre TC y LA; es una bacteria fototrófica, anoxigénica y termófila que ha sido aislado de manantiales termales en todo el mundo, como aguas termales del Valle de Barguzin, Rusia (Gaisin *et al.*, 2015), Nakabusa, Japan (Hanada *et al.* 2002), Yellowstone, Norteamérica (Van der Meer *et al.* 2010), por mencionar algunos, pero también se ha identificado a este género en ambientes desérticos, formando comunidades de hipolitos,

(microorganismos que habitan la parte inferior de las rocas) junto a algunas Cyanobacteria (Lacap *et al.*, 2011).

Por otro lado, *Corynebacterium* es el único género de la familia *Corynebacterium*. Es uno de los géneros más numerosos de Actinobacteria; en la actualidad se han identificado alrededor de 80 especies pertenecientes al género *Corynebacterium*, de las cuales unas 53 se han asociado con infecciones en humanos y animales (Rudresh *et al.*, 2015) y muchas de ellas son parte de la microbiota saprofita de la piel humana (Collins *et al.*, 2004). Son bacterias grampositivas, no formadoras de esporas (Collins, 2004) y aunque también se han encontrado especies de *Corynebacterium* de vida libre en suelo y agua, previamente (Yassin *et al.*, 2003), la mayoría de las especies de este género, son huéspedes habituales del microbioma humano, por lo que también existe la posibilidad de cierta contaminación humana con las muestras.

A pesar del conocimiento previo sobre estos grupos taxonómicos en otros sitios termales y desérticos del mundo, desconocemos la razón exacta de la presencia de estas bacterias, en ambos ambientes. Seguramente la capacidad de resistir múltiples parámetros extremos, les permiten habitar en las aguas termales ácidas del campo geotérmico de LA, así como la región árida de TC. Un estudio metagenómico posterior, podría dar luz acerca de los mecanismos potenciales de resistencia a estas condiciones, que se encuentran codificados en su genoma.

9. CONCLUSIONES

Tierra Caliente, Michoacán y el Gran Desierto de Altar, Sonora

- La composición taxonómica en las muestras de desierto, estuvo distribuida principalmente entre los filos Actinobacteriota, Proteobacteria, Chloroflexi, Bacteroidota y Firmicutes; mientras que las arqueas identificadas fueron pertenecientes a los filos Halobacterota, Thermoplasmatota y Chrenarchaeota.
- La diversidad bacteriana de TC y de las DA del desierto de Sonora, fue significativamente mayor a la diversidad de las CS del desierto de Sonora, lo cual probablemente es debido a que la sal en las muestras de CS, es una condición que genera presión adicional, que sólo unos pocos organismos son capaces de soportar; favoreciendo el crecimiento de unas pocas especies sobre las demás.
- Muchos de los taxones anteriormente reportados en suelos desérticos coinciden con lo reportado en este trabajo. Géneros como *Rubrobacter*, *Microvirga*, *Bacillus*, *Solirubrobacter*, *Geodermatophilus*, *Deinococcus*, *Nostoc* y *Chroococcidiopsis* son ampliamente estudiados y conocidos por poseer mecanismos de resistencia a ambientes áridos, así como las arqueas halófilas *Natronococcus* y *Halalkalicoccus*, consistentes con ambientes altamente salinos y áridos del mundo.
- Hubo grupos taxonómicos compartidos entre las dos regiones desérticas estudiadas; bacterias y arqueas que seguramente y debido a su capacidad para resistir las condiciones ambientales adversas en común, pueden sobrevivir y adaptarse a estos desiertos.

- Las comunidades microbianas del suelo de TC no habían sido analizadas antes, por lo que este estudio revela los primeros datos taxonómicos de bacterias xerófilas de esta región de México.
- Las comunidades microbianas del suelo desprovisto de vegetación del Gran Desierto de Altar, Sonora, no había sido analizada por medio de secuenciación masiva de genes ribosomales ARNr 16S, por lo que la información taxonómica obtenida, enriquece el conocimiento actual de las comunidades xerófilas de desiertos mexicanos.

Los Azufres, Michoacán

- La diversidad de bacterias de LA estuvo integrada principalmente por bacterias de los filos Proteobacteria, Actinobacteriota, Acidobacteriota, Firmicutes. En las muestras de MM también se encontró el filo de arqueas Thermoplasmatota, mientras que en BT fueron identificadas arqueas de los filos Crenarchaeota y Thermoplasmatota.
- El análisis ANCOM muestra dos géneros con abundancia diferencial entre muestras de distintos sitios, *Ferrimicrobium* y una bacteria más de la clase *Acidimicrobiia*.
- Los índices de Shannon y Faith muestran una mayor diversidad en las muestras de MM y una menor diversidad en BT.
- Hubo concordancia taxonómica en lo anterior reportado para LA con lo encontrado en el presente trabajo, pero además se identificaron 84 géneros nuevos que no se habían reportado antes, y los cuales concuerdan con otros ambientes geotérmicos en distintos lugares del mundo.
- A partir del presente estudio, se puede pensar en los análisis de secuenciación de amplicones de genes ribosomales, como una excelente aproximación para saber qué organismos se encuentran presentes en un ambiente.

10. PERSPECTIVAS

Tierra Caliente, Michoacán y el Gran Desierto de Altar, Sonora

- Recuperar metagenomas de estos desiertos permitiría investigar acerca de los potenciales genéticos de las bacterias y arqueas, implicados en la capacidad de sobrevivir en las condiciones presentes en estas regiones, con baja humedad, alta radiación solar y temperaturas extremas.
- Las arqueas se consideran especialistas en la utilización de la energía, por su capacidad de sobrevivir en escasez de nutrientes (Blohs *et al.*, 2019), por lo que un análisis de genes ribosomales dirigido a este grupo permitiría descubrir la verdadera diversidad de arqueas de estas regiones, con estos organismos extremófilos por excelencia.
- Se sugiere realizar muestreos adicionales para tomar parámetros fisicoquímicos adicionales que pudieran permitir llevar a cabo análisis multivariantes, respuesta de las especies a gradientes, etc.
- En algunos desiertos del mundo como en Atacama en Chile, se han llevado a cabo estudios estacionales o en casos de lluvia eventual. Este tipo de estudios pueden darnos información adicional de la dinámica estacional microbiana y cómo estos eventos climáticos pueden tener

efecto en la abundancia o presencia de ciertos grupos resistentes a estos cambios, lo cual sería interesante considerar.

- Aunque los métodos convencionales de cultivo han sido superados por la secuenciación metagenómica, en el descubrimiento de nuevos microorganismos, por medio de la secuenciación de ADN ambiental, realizar diferentes cultivos mínimos y enriquecidos, podría ser una excelente forma de conocer la diversidad cultivable de esta región, que tampoco ha sido estudiada aún.
- En México hay una gran extensión de regiones áridas de las cuales aún no se ha estudiado el microbioma del suelo, estos desiertos mexicanos, representan una oportunidad para estudiar la diversidad y potencial genético de las comunidades xerófilas microbianas.

Los Azufres, Michoacán

La diversidad microbiana de las dos regiones estudiadas en este trabajo, ya habían sido analizadas por métodos metagenómicos anteriormente. El presente estudio pretendió ayudar a complementar la información taxonómica mediante un enfoque distinto. Sin embargo, debido a la nueva información taxonómica descubierta, queda claro que aún puede haber grupos taxonómicos sin descubrir en esta zona, por lo que algunos estudios adicionales, como la secuenciación de genes ribosomales enfocados a otros grupos taxonómicos como las arqueas o algunos eucariotas, sería importante.

11. REFERENCIAS

- Aerts, J. W., Röling, W. F., Elsaesser, A., & Ehrenfreund, P. (2014). Biota and biomolecules in extreme environments on Earth: implications for life detection on Mars. *Life (Basel, Switzerland)*, 4(4), 535–565. <https://doi.org/10.3390/life4040535>
- Andrews S. 2010. FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data. <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc>.
- Aguiar, P., Beveridge, T. J., & Reysenbach, A. L. (2004). Sulfurihydrogenibium azorense, sp. nov., a thermophilic hydrogen-oxidizing microaerophile from terrestrial hot springs in the Azores. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 54(Pt 1), 33–39. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02790-0>
- Aguilera A., Souza-Egipsy V., Gonzalez-Toril E. La vida en Río Tinto. Centro de Astrobiología-CSIC-INTA, Ministerio de Defensa; Madrid, Spain: 2020. p. 100.
- Ai, J., Guo, J., Li, Y., Zhong, X., Lv, Y., Li, J., & Yang, A. (2021). The diversity of microbes and prediction of their functions in karst caves under the influence of human tourism activities—a case study of Zhijin Cave in Southwest China. *Environmental science and pollution research international*, 10.1007/s11356-021-17783-x. Advance online publication. <https://doi.org/10.1007/s11356-021-17783-x>
- Arce-Rodríguez, A., Puente-Sánchez, F., Avendaño, R., Martínez-Cruz, M., de Moor, J. M., Pieper, D. H., & Chavarría, M. (2019). Thermoplasmatales and sulfur-oxidizing bacteria dominate the microbial community at the surface water of a CO₂-rich hydrothermal spring located in Tenorio Volcano National Park, Costa Rica. *Extremophiles : life under extreme conditions*, 23(2), 177–187. <https://doi.org/10.1007/s00792-018-01072-6>

- Arif, I., Batool, M., Schenk, P.M., 2020. Plant microbiome engineering: expected benefits for improved crop growth and resilience. *Trends Biotechnol.* 38, 1385–1396. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2020.04.015>.
- Atanassova, M., Dereikova, A., Mandeva, R., Sjøholm, C., & Kambourova, M. (2008). *Anoxybacillus bogrovensis* sp. nov., a novel thermophilic bacterium isolated from a hot spring in Dolni Bogrov, Bulgaria. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 58(Pt 10), 2359–2362. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65745-0>
- Armienta, M. A., & Segovia, N. (2008). Arsenic and fluoride in the groundwater of Mexico. *Environmental geochemistry and health*, 30(4), 345–353. <https://doi.org/10.1007/s10653-008-9167-8>
- Baek, K., Jo, H., Choi, A., Kang, I., & Cho, J. C. (2014). *Ulvibacter marinus* sp. nov., isolated from coastal seawater. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 64(Pt 6), 2041–2046. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.062398-0>
- Bachran, M., Kluge, S., Lopez-Fernandez, M., & Cherkouk, A. (2019). Microbial Diversity in an Arid, Naturally Saline Environment. *Microbial ecology*, 78(2), 494–505. <https://doi.org/10.1007/s00248-018-1301-2>
- Bahl, J., Lau, M. C., Smith, G. J., Vijaykrishna, D., Cary, S. C., Lacap, D. C., Lee, C. K., Papke, R. T., Warren-Rhodes, K. A., Wong, F. K., McKay, C. P., & Pointing, S. B. (2011). Ancient origins determine global biogeography of hot and cold desert cyanobacteria. *Nature communications*, 2, 163. <https://doi.org/10.1038/ncomms1167>
- Barnard D, Casanueva A, Tuffi M, *et al.*: Extremophiles in biofuel synthesis. *Environ Technol.* 2010; 31 (8–9): 871–88.
- Barka, E. A., Vatsa, P., Sanchez, L., Gaveau-Vaillant, N., Jacquard, C., Meier-Kolthoff, J. P. (2015). Taxonomy, physiology, and natural products of actinobacteria. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 80, 1–43. doi: 10.1128/MMBR.00019-15
- Bartsch, S., Gensch, A., Stephan, S., Doetsch, A., & Gescher, J. (2017). *Metallibacterium scheffleri*: genomic data reveal a versatile metabolism. *FEMS microbiology ecology*, 93(3), 10.1093/femsec/fix011. <https://doi.org/10.1093/femsec/fix011>
- Belnap J, Gardner JS. Soil microstructure in soils of the Colorado Plateau: the role of the cyanobacterium *Microcoleus vaginatus*. *West N Am Naturalist* 1993; 53:40–7.
- Bertran, E., Ward, L. M., & Johnston, D. T. (2020). Draft Genome Sequence of *Acidianus ambivalens* DSM 3772, an-Aerobic Thermoacidophilic Sulfur Disproportionator. *Microbiology resource announcements*, 9(3), e01415-19. <https://doi.org/10.1128/MRA.01415-19>
- Bhaya D: Probing functional diversity of thermophilic cyanobacteria in microbial mats. *Functional Genomics and Evolution of Photosynthetic Systems Advances in Photosynthesis and Respiration*. Springer; 2012. 17 –46.
- Billi, D., Friedmann, E. I., Helm, R. F., & Potts, M. (2001). Gene transfer to the desiccation-tolerant cyanobacterium *Chroococciopsis*. *Journal of bacteriology*, 183(7), 2298–2305. <https://doi.org/10.1128/JB.183.7.2298-2305.2001>
- Birkle P, Merkle B (2000) Environmental impact by spill of geothermal fluids at the geothermal field of Los Azufres, Michoacn, Mexico. *Water Air Soil Pollut* 124:371–410

- Blake, C., Christensen, M.N., Kovacs, A.T., 2021. Molecular aspects of plant growth promotion and protection by bacillus subtilis. *Mol. Plant-Microbe Inter.* 34, 15–25. <https://doi.org/10.1094/MPMI-08-20-0225-CR>.
- Bolívar-Torres H. H. 2021. Diversidad genómica de bacterias termoacidófilas de sedimentos del campo geotérmico de los azufres. Tesis de maestría. Universidad Nacional Autónoma de México.
- Bolger AM, Lohse M, Usadel B. 2014. Trimmomatic: A flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* 30:2114–2120. doi:10.1093/bioinformatics/btu170
- Bräuer, S., Basiliko, N., M P Siljanen, H., & H Zinder, S. (2020). Methanogenic archaea in peatlands. *FEMS microbiology letters*, 367(20), fnaa172. <https://doi.org/10.1093/femsle/fnaa172>
- Brito, E. M., Villegas-Negrete, N., Sotelo-González, I. A., Caretta, C. A., Goñi-Urriza, M., Gassie, C., Hakil, F., Colin, Y., Duran, R., Gutiérrez-Corona, F., Piñón-Castillo, H. A., Cuevas-Rodríguez, G., Malm, O., Torres, J. P., Fahy, A., Reyna-López, G. E., & Guyoneaud, R. (2014). Microbial diversity in Los Azufres geothermal field (Michoacán, Mexico) and isolation of representative sulfate and sulfur reducers. *Extremophiles : life under extreme conditions*, 18(2), 385–398. <https://doi.org/10.1007/s00792-013-0624-7>
- Brito, E., Rodríguez-Galván, M., Hernández-Espino, L. G., Caretta, C. A., Goñi-Urriza, M., Malm, O., Torres, J., & Guyoneaud, R. (2020). Prospecting bacterial consortia from a geothermal site for metals biotransformation. *Biodegradation*, 31(4-6), 235–247. <https://doi.org/10.1007/s10532-020-09906-x>
- Callahan BJ, McMurdie PJ, Rosen MJ, Han AW, Johnson AJ, Holmes SP. 2016. DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nat Methods* 13:581–583. doi:10.1038/nmeth.3869
- Caporaso JG, Kuczynski J, Stombaugh J, Bittinger K, Bushman FD, Costello EK, Fierer N, Peña AG, Goodrich JK, Gordon JI, Huttley GA, Kelley ST, Knights D, Koenig JE, Ley RE, Lozupone CA, McDonald D, Muegge BD, Pirrung M, Reeder J, Sevinsky JR, Turnbaugh PJ, Walters WA, Widmann J, Yatsunencko T, Zaneveld J, Knight R. 2010. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nat Methods* 7:335–336. doi: 10.1038/nmeth.f.303
- Castorena, G., Mugica, V., Le Borgne, S., Acuña, M. E., Bustos-Jaimes, I., & Aburto, J. (2006). Carbazole biodegradation in gas oil/water biphasic media by a new isolated bacterium Burkholderia sp. strain IMP5GC. *Journal of applied microbiology*, 100(4), 739–745. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2005.02799.x>
- Cavalazzi B., Glamoclija M., Brack A., Westall F., Orosei R., Cady S.L. (2018) Astrobiology, the Emergence of Life, and Planetary Exploration. In: Rossi A., van Gasselt S. (eds) Planetary Geology. Springer Praxis Books. Springer, Cham.
- Caporaso, J. G., Kuczynski, J., Stombaugh, J., Bittinger, K., Bushman, F. D., Costello, E. K., Fierer, N., Peña, A. G., Goodrich, J. K., Gordon, J. I., Huttley, G. A., Kelley, S. T., Knights, D., Koenig, J. E., Ley, R. E., Lozupone, C. A., McDonald, D., Muegge, B. D., Pirrung, M., Reeder, J., ... Knight, R. (2010). QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nature methods*, 7(5), 335–336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303>

- Chanal A, Chapon V, Benzerara K, *et al.* The desert of Tataouine: an extreme environment that hosts a wide diversity of microorganisms and radiotolerant bacteria. *Environ Microbiol* 2006; 8:514–25.
- Chater, K. F., & Chandra, G. (2006). The evolution of development in *Streptomyces* analysed by genome comparisons. *FEMS microbiology reviews*, 30(5), 651-672.
- Chen, I. M. A. *et al.* (2017) 'IMG/M: Integrated genome and metagenome comparative data analysis system', *Nucleic Acids Research*, 45(D1), pp. D507–D516. doi: 10.1093/nar/gkw929.
- Chen, S., Xu, Y., Sun, S., & Chen, F. (2019). Haloterrigena salifodinae sp. nov., an extremely halophilic archaeon isolated from a subterranean rock salt. *Antonie van Leeuwenhoek*, 112(9), 1317–1329. <https://doi.org/10.1007/s10482-019-01264-w>
- Chen, Y., Neilson, J. W., Kushwaha, P., Maier, R. M., & Barberán, A. (2020). Life-history strategies of soil microbial communities in an arid ecosystem. *The ISME journal*, 10.1038/s41396-020-00803-y. Advance online publication. <https://doi.org/10.1038/s41396-020-00803-y>
- Cheng, J. H., Wang, Y., Zhang, X. Y., Sun, M. L., Zhang, X., Song, X. Y., Zhang, Y. Z., Zhang, Y., & Chen, X. L. (2021). Characterization and Diversity Analysis of the Extracellular Proteases of Thermophilic Anoxybacillus caldiproteolyticus 1A02591 From Deep-Sea Hydrothermal Vent Sediment. *Frontiers in microbiology*, 12, 643508. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.643508>
- Choi, T. H., Lee, H. K., Lee, K., & Cho, J. C. (2007). *Ulvibacter antarcticus* sp. nov., isolated from Antarctic coastal seawater. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 57(Pt 12), 2922–2925. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65265-0>
- Chou, Y. J., Sheu, S. Y., Sheu, D. S., Wang, J. T., & Chen, W. M. (2006). *Schlegelella aquatica* sp. nov., a novel thermophilic bacterium isolated from a hot spring. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 56(Pt 12), 2793–2797. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64446-0>
- Cihan A. C. (2013). Taxonomic classification of *Anoxybacillus* isolates from geothermal regions in Turkey by 16S rRNA gene sequences and ARDRA, ITS-PCR, Rep-PCR analyses. *Polish journal of microbiology*, 62(2), 149–163
- Collins, M. D. (2004). *Corynebacterium caspium* sp. nov., from a Caspian seal (*Phoca caspica*). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 54 (3): 925–8. doi:10.1099/ijs.0.02950-0. PMID 15143043
- Collins, Matthew D., Lesley Hoyles, Geoffrey Foster y Enevold Falsen. «*Corynebacterium caspium* sp. nov., from a Caspian seal (*Phoca caspica*).» *Int J Syst Evol Microbiol* 54 (2004), 925-928
- CONAFOR. 2018. Consultado el 21/02/20 en: <https://www.gob.mx/conafor/es/articulos/las-zonas-aridas-son-mas-que-desierto?idiom=es>
- Comisión Nacional de las Zonas Áridas (Conaza). 1994. Mezquite (*Prosopis spp.*). Cultivo alternativo para las zonas áridas y semiáridas de México. Conaza, Instituto Nacional de Ecología, México. 30 pp.

- Connon SA, Lester ED, Shafaat HS, *et al.* Bacterial diversity in hyperarid Atacama Desert soils. *J Geophys Res-Biogeosci* 2007; 112: G04S17.
- Cox, M. M., & Battista, J. R. (2005). *Deinococcus radiodurans* - the consummate survivor. *Nature reviews. Microbiology*, 3(11), 882–892. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1264>
- Crowe, J. H., L. M. Crowe, J. E. Carpenter, S. Petrelski, F. A. Hoekstra, P. de Araujo, and A. D. Panek. 1997. Anhydrobiosis: cellular adaptation to extreme dehydration, p. 1445–1478. *In* W. H. Dantzler (ed.), *Handbook of physiology*, vol. 2. Oxford University Press, Oxford, United Kingdom.
- Deamer, D.W. and Georgiou, C.D. (2015) Hydrothermal conditions and the origin of cellular life. *Astrobiology* 15:1091–1095.
- Des Marais, D. J., & Walter, M. R. (2019). Terrestrial Hot Spring Systems: Introduction. *Astrobiology*, 19(12), 1419–1432. <https://doi.org/10.1089/ast.2018.1976>
- Ding, G. C., Piceno, Y. M., Heuer, H., Weinert, N., Dohrmann, A. B., Carrillo, A., Andersen, G. L., Castellanos, T., Tebbe, C. C., & Smalla, K. (2013). Changes of soil bacterial diversity as a consequence of agricultural land use in a semi-arid ecosystem. *PloS one*, 8(3), e59497. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0059497>
- DiRuggiero, J., N. Santangelo, Z. Nackerdien, J. Ravel, and F. Robb. 1997. Repair of extensive ionizing-radiation DNA damage at 95°C in the hyperthermophilic archaeon *Pyrococcus furiosus*. *J. Bacteriol.* 179:4643–4645.
- Dong, Y., Sanford, R. A., Inskeep, W. P., Srivastava, V., Bulone, V., Fields, C. J., Yau, P. M., Sivaguru, M., Ahrén, D., Fouke, K. W., Weber, J., Werth, C. R., Cann, I. K., Keating, K. M., Khetani, R. S., Hernandez, A. G., Wright, C., Band, M., Imai, B. S., Fried, G. A., Fouke, B. W. (2019). Physiology, Metabolism, and Fossilization of Hot-Spring Filamentous Microbial Mats. *Astrobiology*, 19(12), 1442–1458. <https://doi.org/10.1089/ast.2018.1965>
- Dopson M, Ni G, Sleutels TH: Possibilities for extremophilic microorganisms in microbial electrochemical systems. *FEMS Microbiol Rev.* 2016; 40(2): 164–81.
- Eida, A. A., Bougouffa, S., Alam, I., Hirt, H., & Saad, M. M. (2020). Complete Genome Sequence of *Paenibacillus* sp. JZ16, a Plant Growth Promoting Root Endophytic Bacterium of the Desert Halophyte *Zygophyllum Simplex*. *Current microbiology*, 77(6), 1097–1103. <https://doi.org/10.1007/s00284-020-01908-5>
- Espinosa-Asuar, Laura, Escalante, Ana E., Falcón, Luisa I., Bonilla-Rosso, Germán, Ramírez-Barahona, Santiago, Eguiarte, Luis E., & Souza, Valeria. (2014). Comparación de tres métodos moleculares para el análisis de procariontes ambientales en el mar del canal de Yucatán, México. *Hidrobiológica*, 24(3), 257-270. Recuperado en 20 de diciembre de 2021, de http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0188-88972014000300009&lng=es&tlng=es
- European Union, 2011. https://cordis.europa.eu/article/id/91_21_8-uniting-research-on-life-in-extreme-environments/es
- Faith DP. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biol Cons.* 1992;61:1-10.
- Falagán, C., Foessel, B., & Johnson, B. (2017). *Acidicapsa ferrireducens* sp. nov., *Acidicapsa acidiphila* sp. nov., and *Granulicella acidiphila* sp. nov.: novel Acidobacteriota isolated from metal-rich acidic waters. *Extremophiles : life under extreme conditions*, 21(3), 459–469. <https://doi.org/10.1007/s00792-017-0916-4>

- Ferreira, A. C., M. F. Nobre, E. D. Moore, F. A. Rainey, J. R. Battista, and M. S. da Costa. 2000. Characterization and radiation resistance of new isolates of *Rubrobacter radiotolerans* and *Rubrobacter xylanophilus*. *Extremophiles* 3:235–238.
- Fierer N, Strickland MS, Liptzin D, *et al.* Global patterns in belowground communities. *Ecol Lett* 2009; 12:1238–49.
- Fierer N, Leff JW, Adams BJ, *et al.* Cross-biome metagenomic analyses of soil microbial communities and their functional attributes. *P Natl Acad Sci USA* 2012; 109:21390–5.
- Flores, G. E., Liu, Y., Ferrera, I., Beveridge, T. J., & Reysenbach, A. L. (2008). *Sulfurihydrogenibium kristjanssonii* sp. nov., a hydrogen- and sulfur-oxidizing thermophile isolated from a terrestrial Icelandic hot spring. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 58(Pt 5), 1153–1158. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65570-0>
- Flores, N., Hoyos, S., Venegas, M., Galetović, A., Zúñiga, L. M., Fábrega, F., Paredes, B., Salazar-Ardiles, C., Vilo, C., Ascaso, C., Wierzchos, J., Souza-Egipsy, V., Araya, J. E., Batista-García, R. A., & Gómez-Silva, B. (2020). *Haloterrigena* sp. Strain SGH1, a Bacterioruberin-Rich, Perchlorate-Tolerant Halophilic Archaeon Isolated From Halite Microbial Communities, Atacama Desert, Chile. *Frontiers in microbiology*, 11, 324. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00324>
- Foley JA, R Defries, GP Asner, GC Barford, G Bonan *et al.* (2005) Global consequences of land use. *Science* 309: 570-574 pp.
- Friedmann, E. I. 1993. Extreme environments, limits of adaptation and extinction, p. 9–12. *In* R. Guerrero and C. Pedro's-Alio' (ed.), *Trends in microbial ecology*. Spanish Society for Microbiology, Barcelona, Spain.
- Fuentes, B., Choque, A., Gómez, F., Alarcón, J., Castro-Nallar, E., Arenas, F., Contreras, D., Mörchen, R., Amelung, W., Knief, C., Moradi, G., Klumpp, E., Saavedra, C. P., Prietzel, J., Klysubun, W., Remonsellez, F., & Bol, R. (2022). Influence of Physical-Chemical Soil Parameters on Microbiota Composition and Diversity in a Deep Hyperarid Core of the Atacama Desert. *Frontiers in microbiology*, 12, 794743. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.794743>
- Gago, J. F., Viver, T., Urdiain, M., Pastor, S., Kämpfer, P., Ferreira, E., & Rossello-Mora, R. (2021). Description of three new *Alteromonas* species *Alteromonas antoniana* sp. nov., *Alteromonas lipotruaeae* sp. nov. and *Alteromonas lipotruaeiana* sp. nov. isolated from marine environments, and proposal for reclassification of the genus *Salinimonas* as *Alteromonas*. *Systematic and applied microbiology*, 44(4), 126226. <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2021.126226>
- Gaisin, V. A., Kalashnikov, A. M., Sukhacheva, M. V., Namsaraev, Z. B., Barhutova, D. D., Gorlenko, V. M., & Kuznetsov, B. B. (2015). Filamentous anoxygenic phototrophic bacteria from cyanobacterial mats of Alla hot springs (Barguzin Valley, Russia). *Extremophiles : life under extreme conditions*, 19(6), 1067–1076. <https://doi.org/10.1007/s00792-015-0777-7>
- Gargaud M. *Encyclopedia of astrobiology*, Berlin: Springer Science & Business Media; 2011. <https://www.springer.com/gp/book/9783642112744>
- Gholami, M., Etemadifar, Z., & Bouzari, M. (2015). Isolation a new strain of *Kocuria rosea* capable of tolerating extreme conditions. *Journal of environmental radioactivity*, 144, 113–119. <https://doi.org/10.1016/j.jenvrad.2015.03.010>

- Gómez F. 2016. Guía específica de trabajo sobre “Vida en ambientes extremos”
- González M. F. 2012. Zonas áridas y semiáridas de México y su vegetación. Consultado el 20 de octubre del 2020 en: www.inegi.org.mx › *regionesnaturalesbiogeografiamexico*
- González-Ruiz, L. E., González Partida, E., Garduño Monroy, V. H., Martínez, L., Pironon, J., Díaz-Carreño, E. H., & Romero-Rojas, M. C. (2016). Distribución de anomalías geotérmicas en México: Una guía útil en la prospección geotérmica.
- Goodfellow, M., Nouioui, I., Sanderson, R., Xie, F., and Bull, A. T. (2018). Rare taxa and dark microbial matter: novel bioactive actinobacteria abound in Atacama Desert soils. *Antonie van Leeuwenhoek* 111, 1315–1332. doi: 10.1007/s10482-018-1088-7
- Gu, S., Wei, Z., Shao, Z., Friman, V.P., Cao, K., Yang, T., Kramer, J., Wang, X., Li, M., Mei, X., Xu, Y., Shen, Q., Kümmerli, R., Jousset, A., 2020. Competition for iron drives phytopathogen control by natural rhizosphere microbiomes. *Nat. Microbiol.* 5, 1002–1010. <https://doi.org/10.1038/s41564-020-0719-8>.
- Guesmi, S., Pujic, P., Nouioui, I., Dubost, A., Najjari, A., Ghedira, K., Igual, J. M., Miotello, G., Cherif, A., Armengaud, J., Klenk, H. P., Normand, P., & Sghaier, H. (2021). Ionizing-radiation-resistant *Kocuria rhizophila* PT10 isolated from the Tunisian Sahara xerophyte *Panicum turgidum*: Polyphasic characterization and proteogenomic arsenal. *Genomics*, 113(1 Pt 1), 317–330. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2020.11.029>
- Hallberg KB, Coupland K, Kimura S, Johnson DB. 2006. Macroscopic streamer growths in acidic, metal-rich mine waters in north Wales consist of novel and remarkably simple bacterial communities. *Appl. Environ. Microbiol.* 72:2022–2030.
- Hao, H., Zhao, X., Wang, Y., Zhang, Y., Xie, Z., Guo, Z., & Wang, R. (2017). Effects of gravel-sand mulching on soil bacterial community and metabolic capability in the semi-arid Loess Plateau, China. *World journal of microbiology & biotechnology*, 33(11), 209. <https://doi.org/10.1007/s11274-017-2367-6>
- Herlemann DP, Labrenz M, Jurgens K, Bertilsson S, Waniek JJ, Andersson AF. 2011. Transitions in bacterial communities along the 2000 km salinity gradient of the Baltic Sea. *ISME J* 5:1571–1579. doi:10.1038/ismej.2011.41
- Hershkovitz, N., A. Oren, and Y. Cohen. 1991. Accumulation of trehalose and sucrose in cyanobacteria exposed to matric water stress. *Appl. Environ. Microbiol.* 57:645–648.
- Hsu, B. M., Chen, C. H., Wan, M. T., & Cheng, H. W. (2006). Legionella prevalence in hot spring recreation areas of Taiwan. *Water research*, 40(17), 3267–3273. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2006.07.007>
- Huang, S. W., Hsu, B. M., Wu, S. F., Fan, C. W., Shih, F. C., Lin, Y. C., & Ji, D. D. (2010). Water quality parameters associated with prevalence of Legionella in hot spring facility water bodies. *Water research*, 44(16), 4805–4811. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2010.07.063>
- Huber, K. J., Geppert, A. M., Groß, U., Luckner, M., Wanner, G., Cooper, P., Abakah, J., Janssen, I., & Overmann, J. (2017). *Aridibacter nitratireducens* sp. nov., a member of the family Blastocatellaceae, class Blastocatellia, isolated from an African soil. *International*

journal of systematic and evolutionary microbiology, 67(11), 4487–4493.
<https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002318>

- Huber, K. J., Wüst, P. K., Rohde, M., Overmann, J., & Foesel, B. U. (2014). *Aridibacter famidurans* gen. nov., sp. nov. and *Aridibacter kavangonensis* sp. nov., two novel members of subdivision 4 of the Acidobacteriota isolated from semiarid savannah soil. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 64(Pt 6), 1866–1875. <https://doi.org/10.1099/ijms.0.060236-0>
- Huse, S. M., D. Les, J. A. Huber, D. M. Welch, D. A. Relman & M. L. Sogin. 2008. Exploring microbial diversity and taxonomy using SSU rRNA hypervariable tag sequencing. *PLOS Genetics* 4: 1-10.
- Ishino S, Ishino Y: DNA polymerases as useful reagents for biotechnology – the history of developmental research in the field. *Front Microbiol.* 2014; 5: 465.
- Ivanova, N., Rohde, C., Munk, C., Nolan, M., Lucas, S., Del Rio, T. G., Tice, H., Deshpande, S., Cheng, J. F., Tapia, R., Han, C., Goodwin, L., Pitluck, S., Liolios, K., Mavromatis, K., Mikhailova, N., Pati, A., Chen, A., Palaniappan, K., Land, M., ... Lapidus, A. (2011). Complete genome sequence of *Truepera radiovictrix* type strain (RQ-24). *Standards in genomic sciences*, 4(1), 91–99. <https://doi.org/10.4056/sigs.1563919>
- Jayasimhulu, K., Hunt, S. M., Kaneshiro, E. S., Watanabe, Y., & Giner, J. L. (2007). Detection and identification of *Bacteriovorax stolpii* UKi2 Sphingophosphonolipid molecular species. *Journal of the American Society for Mass Spectrometry*, 18(3), 394–403. <https://doi.org/10.1016/j.jasms.2006.10.014>
- Jeon, C. O., Lim, J. M., Lee, S. S., Chung, B. S., Park, D. J., Xu, L. H., Jiang, C. L., & Kim, C. J. (2009). *Paenibacillus harenae* sp. nov., isolated from desert sand in China. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 59(Pt 1), 13–17. <https://doi.org/10.1099/ijms.0.65664-0>
- Jin, Q. W., Hu, Y. H., & Sun, L. (2018). *Alteromonas oceani* sp. nov., isolated from deep-sea sediment of a hydrothermal field. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 68(2), 657–662. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002560>
- Johnson DB, Rolfe S, Hallberg KB, Iversen E. 2001. Isolation and phylogenetic characterization of acidophilic microorganisms indigenous to acidic drainage waters at an abandoned Norwegian copper mine. *Environ. Microbiol.* 3:630–637.
- Johnson, D. B., Bacelar-Nicolau, P., Okibe, N., Thomas, A., & Hallberg, K. B. (2009). *Ferrimicrobium acidiphilum* gen. nov., sp. nov. and *Ferrithrix thermotolerans* gen. nov., sp. nov.: heterotrophic, iron-oxidizing, extremely acidophilic Actinobacteriota. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 59(Pt 5), 1082–1089. <https://doi.org/10.1099/ijms.0.65409-0>
- Jolivet, E., S. L'Haridon, E. Corre, S. L'Haridon, P. Forterre, and D. Prieur. 2004. *Thermococcus marinus* sp. nov., and *Thermococcus radiotolerans* sp. nov., two hyperthermophilic archaea from deep-sea hydrothermal vents that resist ionizing radiation. *Extremophiles* 8:219–227.
- Kawaguchi, Y., Shibuya, M., Kinoshita, I., Yatabe, J., Narumi, I., Shibata, H., Hayashi, R., Fujiwara, D., Murano, Y., Hashimoto, H., Imai, E., Kodaira, S., Uchihori, Y., Nakagawa, K.,

- Mita, H., Yokobori, S. I., & Yamagishi, A. (2020). DNA Damage and Survival Time Course of Deinococcal Cell Pellets During 3 Years of Exposure to Outer Space. *Frontiers in microbiology*, 11, 2050. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.02050>
- Keshri, J., Mishra, A., & Jha, B. (2013). Microbial population index and community structure in saline-alkaline soil using gene targeted metagenomics. *Microbiological research*, 168(3), 165–173. <https://doi.org/10.1016/j.micres.2012.09.005>
 - Khan, I. U., Habib, N., Xiao, M., Devi, A. M., Habib, M., Hejazi, M. S., Salam, N., Zhi, X. Y., & Li, W. J. (2018). *Anoxybacillus sediminis* sp. nov., a novel moderately thermophilic bacterium isolated from a hot spring. *Antonie van Leeuwenhoek*, 111(12), 2275–2282. <https://doi.org/10.1007/s10482-018-1118-5>
 - Kieft, T. L. (2002), Hot desert soil communities, in *Encyclopedia of Environmental Microbiology*, pp. 1576–1586, John Wiley, New York.
 - Kim, D. U., Lee, H., Kim, H., Kim, S. G., & Ka, J. O. (2016). *Dongia soli* sp. nov., isolated from soil from Dokdo, Korea. *Antonie van Leeuwenhoek*, 109(10), 1397–1402. <https://doi.org/10.1007/s10482-016-0738-x>
 - Kishimoto N, Kosako Y, Wakao N, Tano T, Hiraishi A. 1995. Transfer of *Acidiphilium facilis* and *Acidiphilium aminolytica* to the genus *Acidocella* gen. nov, and emendation of the genus *Acidiphilium*. *Syst. Appl. Microbiol.* 18:85–91.
 - Köberl, M., Müller, H., Ramadan, E. M., & Berg, G. (2011). Desert farming benefits from microbial potential in arid soils and promotes diversity and plant health. *PloS one*, 6(9), e24452. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024452>
 - Kruskal, W.H., & Wallis, W.A. (1952). Use of Ranks in One-Criterion Variance Analysis. *Journal of the American Statistical Association*, 47, 583-621.
 - Kubo, K., Knittel, K., Amann, R., Fukui, M., & Matsuura, K. (2011). Sulfur-metabolizing bacterial populations in microbial mats of the Nakabusa hot spring, Japan. *Systematic and applied microbiology*, 34(4), 293–302. <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2010.12.002>
 - Lacap, D. C., Warren-Rhodes, K. A., McKay, C. P., & Pointing, S. B. (2011). Cyanobacteria and chloroflexi-dominated hypolithic colonization of quartz at the hyper-arid core of the Atacama Desert, Chile. *Extremophiles : life under extreme conditions*, 15(1), 31–38. <https://doi.org/10.1007/s00792-010-0334-3>
 - Laity JJ. *Deserts and Desert Environments*. 2009. Chichester, UK: WileyBlackwell.
 - Li, X., Wang, J., Jia, Y., Reheman, A., & Yan, Y. (2020). The Genome Analysis of *Methylobacterium populi* YC-XJ1 with Diverse Xenobiotics Biodegrading Capacity and Degradation Characteristics of Related Hydrolase. *International journal of molecular sciences*, 21(12), 4436. <https://doi.org/10.3390/ijms21124436>
 - Li, Y. T., Yang, S., Zhang, Y., Fan, L., Liu, K., & Zhang, S. (2021). *Huan jing ke xue= Huanjing kexue*, 42(9), 4481–4488. <https://doi.org/10.13227/j.hjcx.202101237>
 - Li, F., Leu, A., Poff, K., Carlson, L. T., Ingalls, A. E., & DeLong, E. F. (2021). Planktonic Archaeal Ether Lipid Origins in Surface Waters of the North Pacific Subtropical Gyre. *Frontiers in microbiology*, 12, 610675. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.610675>
 - Lim, J. M., Jeon, C. O., Lee, J. C., Xu, L. H., Jiang, C. L., & Kim, C. J. (2006). *Paenibacillus gansuensis* sp. nov., isolated from desert soil of Gansu Province in China. *International*

journal of systematic and evolutionary microbiology, 56(Pt 9), 2131–2134.
<https://doi.org/10.1099/ijs.0.64210-0>

- Liu, B. B., Salam, N., Narsing Rao, M. P., Cheng, S., Xie, Y. G., Wang, L. Y., Zhang, Y. R., Yu, X. Y., Guo, S. X., & Li, W. J. (2022). Haloterrigena gelatinilytica sp. nov., a new extremely halophilic archaeon isolated from salt-lake. *Archives of microbiology*, 204(3), 176. <https://doi.org/10.1007/s00203-022-02783-3>
- Lozupone CA, Hamady M, Kelley ST, et al. Quantitative and qualitative beta diversity measures lead to different insights into factors that structure microbial communities. *Appl Environ Microbiol*. 2007;73:1576-1585.
- Ma, M., Gao, W., Li, Q., Han, B., Zhu, A., Yang, H., & Zheng, L. (2021). Biodiversity and oil degradation capacity of oil-degrading bacteria isolated from deep-sea hydrothermal sediments of the South Mid-Atlantic Ridge. *Marine pollution bulletin*, 171, 112770. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2021.112770>
- Mahato, N. K., Sharma, A., Singh, Y., & Lal, R. (2019). Comparative metagenomic analyses of a high-altitude Himalayan geothermal spring revealed temperature-constrained habitat-specific microbial community and metabolic dynamics. *Archives of microbiology*, 201(3), 377–388. <https://doi.org/10.1007/s00203-018-01616-6>
- Makhalanyane TP, Valverde A, Lacap DC, et al. Evidence of species recruitment and development of hot desert hypolithic communities. *Environ Microbiol Rep* 2013; 5:219–24
- Mandal S, Van Treuren W, White RA, Eggesbø M, Knight R, Peddada SD. Analysis of composition of microbiomes: a novel method for studying microbial composition. *Microb Ecol Health Dis*. 2015;26:27663. Published 2015 May 29. doi:10.3402/mehd.v26.27663
- Marín-Paredes, R., & Servín-Garcidueñas, L. E. (2020). *Estudio metagenómico de arqueas termoacidófilas de sedimentos del campo geotérmico de los azufres*. [Universidad Nacional Autónoma de México]. <http://pbidi.unam.mx:8080/login?url=http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=catt02029a&AN=tes.TES01000802640&lang=es&site=eds-live>
- Martinez, J. N., Nishihara, A., Lichtenberg, M., Trampe, E., Kawai, S., Tank, M., Köhl, M., Hanada, S., & Thiel, V. (2019). Vertical Distribution and Diversity of Phototrophic Bacteria within a Hot Spring Microbial Mat (Nakabusa Hot Springs, Japan). *Microbes and environments*, 34(4), 374–387. <https://doi.org/10.1264/jsme2.ME19047>
- Masoudzadeh, N., Zakeri, F., Lotfabad, T. b., Sharafi, H., Masoomi, F., Zahiri, H. S., Ahmadian, G., & Noghabi, K. A. (2011). Biosorption of cadmium by *Brevundimonas* sp. ZF12 strain, a novel biosorbent isolated from hot-spring waters in high background radiation areas. *Journal of hazardous materials*, 197, 190–198. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2011.09.075>
- Mayilraj, S., Krishnamurthi, S., Saha, P., & Saini, H. S. (2006). *Rhodococcus kroppenstedtii* sp. nov., a novel actinobacterium isolated from a cold desert of the Himalayas, India. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 56(Pt 5), 979–982. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63831-0>
- Meena, S., Gothwal, R. K., Krishna Mohan, M., & Ghosh, P. (2014). Production and purification of a hyperthermostable chitinase from *Brevibacillus formosus* BISR-1 isolated

from the Great Indian Desert soils. *Extremophiles : life under extreme conditions*, 18(2), 451–462. <https://doi.org/10.1007/s00792-014-0630-4>

- Mendoza-Rangel E y Hernández-Ayala. 2004. La protección ambiental en el campo geotérmico de Los Azufres, Mich. *Geotermia*, Vol. 17, No. 1.
- Min, D., Wu, J., Cheng, L., Liu, D. F., Lau, T. C., & Yu, H. Q. (2021). Dependence of arsenic resistance and reduction capacity of *Aeromonas hydrophila* on carbon substrate. *Journal of hazardous materials*, 403, 123611. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.123611>
- Naghoni, A., Emtiazi, G., Amoozegar, M. A., Rasooli, M., Etemadifar, Z., Shahzadeh Fazeli, S. A., Minegishi, H., & Ventosa, A. (2017). *Natronoarchaeum persicum* sp. nov., a haloarchaeon isolated from a hypersaline lake. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 67(9), 3339–3344. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002116>
- Nagy, M. L., Pérez, A., & Garcia-Pichel, F. (2005). The prokaryotic diversity of biological soil crusts in the Sonoran Desert (Organ Pipe Cactus National Monument, AZ). *FEMS microbiology ecology*, 54(2), 233–245. <https://doi.org/10.1016/j.femsec.2005.03.011>
- Nakagawa, S., Shtaih, Z., Banta, A., Beveridge, T. J., Sako, Y., & Reysenbach, A. L. (2005). *Sulfurihydrogenibium yellowstonense* sp. nov., an extremely thermophilic, facultatively heterotrophic, sulfur-oxidizing bacterium from Yellowstone National Park, and emended descriptions of the genus *Sulfurihydrogenibium*, *Sulfurihydrogenibium subterraneum* and *Sulfurihydrogenibium azorense*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 55(Pt 6), 2263–2268. <https://doi.org/10.1099/ijms.0.63708-0>
- Nan, L., Guo, Q., & Cao, S. (2020). Archaeal community diversity in different types of saline-alkali soil in arid regions of Northwest China. *Journal of bioscience and bioengineering*, 130(4), 382–389. <https://doi.org/10.1016/j.jbiosc.2020.06.001>
- Nelson WC, Wollerman L, Bhaya D, Heidelberg JF: Analysis of insertion sequences in thermophilic cyanobacteria: exploring the mechanisms of establishing, maintaining, and withstanding high insertion sequence abundance. *Appl Environ Microbiol* 2011, 77:5458-5466.
- Nunoura T, Takaki Y, Kakuta J, Nishi S, Sugahara J, Kazama H, Chee GJ, Hattori M, Kanai A, Atomi H *et al.*: Insights into the evolution of Archaea and eukaryotic protein modifier systems revealed by the genome of a novel archaeal group. *Nucleic Acids Res* 2011, 39:3204-3223.
- O'Neill, A. H., Liu, Y., Ferrera, I., Beveridge, T. J., & Reysenbach, A. L. (2008). *Sulfurihydrogenibium rodmanii* sp. nov., a sulfur-oxidizing chemolithoautotroph from the Uzon Caldera, Kamchatka Peninsula, Russia, and emended description of the genus *Sulfurihydrogenibium*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 58(Pt 5), 1147–1152. <https://doi.org/10.1099/ijms.0.65431-0>
- Oren A. (2010). Industrial and environmental applications of halophilic microorganisms. *Environmental technology*, 31(8-9), 825–834. <https://doi.org/10.1080/09593330903370026>
- Panda, A. K., Bisht, S. S., De Mandal, S., & Kumar, N. S. (2016). Bacterial and archeal community composition in hot springs from Indo-Burma region, North-east India. *AMB Express*, 6(1), 111. <https://doi.org/10.1186/s13568-016-0284-y>

- Patel, R., Mevada, V., Prajapati, D., Dudhagara, P., Koringa, P., & Joshi, C. G. (2015). Metagenomic sequence of saline desert microbiota from wild ass sanctuary, Little Rann of Kutch, Gujarat, India. *Genomics data*, 3, 137–139. <https://doi.org/10.1016/j.gdata.2015.01.003>
- Plumb, J. J., Haddad, C. M., Gibson, J., & Franzmann, P. D. (2007). *Acidianus sulfidivorans* sp. nov., an extremely acidophilic, thermophilic archaeon isolated from a solfatara on Lihir Island, Papua New Guinea, and emendation of the genus description. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 57(Pt 7), 1418–1423. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64846-0>
- Pointing SB, Warren-Rhodes KA, Lacap DC, *et al.* Hypolithic community shifts occur as a result of liquid water availability along environmental gradients in China's hot and cold hyperarid deserts. *Environ Microbiol* 2007; 9:414–24.
- Potts, M. 1999. Mechanisms of desiccation tolerance in cyanobacteria. *Eur. J. Phycol.* 34:319–328.
- Potts, M., S. M. Slaughter, F. U. Hunneke, J. F. Garst, and R. F. Helm (2005), Desiccation tolerance of prokaryotes: Application of principles to human cells, *Integrative and Comparative Biology*, 45(5), 800–809.
- Qin, S., Xing, K., Jiang, J. H., Xu, L. H., and Li, W. J. (2011). Biodiversity, bioactive natural products and biotechnological potential of plant-associated endophytic actinobacteria. *Appl. Microbiol. Biotechnol.* 89, 457–473. doi: 10.1007/s00253-010-2923-6
- Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, Gerken J, Schweer T, Yarza P, Peplies J, Glöckner FO. 2013. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and Web-based tools. *Nucleic Acids Res* 41:D590–D596. doi:10.1093/nar/gks1219
- Rainey, F. A., Ray, K., Ferreira, M., Gatz, B. Z., Nobre, M. F., Bagaley, D., Rash, B. A., Park, M. J., Earl, A. M., Shank, N. C., Small, A. M., Henk, M. C., Battista, J. R., Kämpfer, P., & da Costa, M. S. (2005). Extensive diversity of ionizing-radiation-resistant bacteria recovered from Sonoran Desert soil and description of nine new species of the genus *Deinococcus* obtained from a single soil sample. *Applied and environmental microbiology*, 71(9), 5225–5235. <https://doi.org/10.1128/AEM.71.9.5225-5235.2005>
- Ramírez D., Ninfa, & Serrano R., José Antonio, & Sandoval T., Horacio (2006). Microorganismos extremófilos. Actinomicetos halófilos en México. *Revista Mexicana de Ciencias Farmacéuticas*, 37(3), 56-71. [fecha de Consulta 1 de Febrero de 2021]. ISSN: 1870-0195. Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=579/57937307>
- Roberts MS, Cohan FM (1995) Recombination and migration rates in natural populations of *Bacillus subtilis* and *Bacillus mojavensis*. *Evolution* 49(6):1081–1094.
- Rognes T, Flouri T, Nichols B, Quince C, Mahé F. 2016. VSEARCH: a versatile open-source tool for metagenomics. *PeerJ* 4:e2584. doi: 10.7717/peerj.2584
- Röttig, A., Hauschild, P., Madkour, M. H., Al-Ansari, A. M., Almakishah, N. H., & Steinbüchel, A. (2020). Corrigendum to "Analysis and optimization of triacylglycerol synthesis in novel oleaginous *Rhodococcus* and *Streptomyces* strains isolated from desert soil" [J. Biotechnol. 225 (2016) 48-56]. *Journal of biotechnology*, 310, 114. <https://doi.org/10.1016/j.jbiotec.2020.01.011>

- Rozanov, A. S., Korzhuk, A. V., Bryanskaya, A. V., & Peltek, S. E. (2017). Draft genome sequence of *Anoxybacillus flavithermus* KU2-6-11 isolated from hot-spring in Uzon caldera (Kamchatka, Russia). *Data in brief*, 16, 758–761. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2017.11.095>
- Rudresh, S. M., Ravi, G. S., Alex, A. M., Mamatha, K. R., Sunitha, L., & Ramya, K. T. (2015). Non Diphtheritic *Corynebacteria*: An Emerging Nosocomial Pathogen in Skin and Soft Tissue Infection. *Journal of clinical and diagnostic research : JCDR*, 9(12), DC19–DC21. <https://doi.org/10.7860/JCDR/2015/15580.6977>
- Saha, P., & Chakrabarti, T. (2006). *Flavobacterium indicum* sp. nov., isolated from warm spring water in Assam, India. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 56(Pt 11), 2617–2621. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64309-0>
- Sahay, H., Yadav, A. N., Singh, A. K., Singh, S., Kaushik, R., & Saxena, A. K. (2017). Hot springs of Indian Himalayas: potential sources of microbial diversity and thermostable hydrolytic enzymes. *3 Biotech*, 7(2), 118. <https://doi.org/10.1007/s13205-017-0762-1>
- Sangwan, N., Lambert, C., Sharma, A., Gupta, V., Khurana, P., Khurana, J. P., Sockett, R. E., Gilbert, J. A., & Lal, R. (2015). Arsenic rich Himalayan hot spring metagenomics reveal genetically novel predator-prey genotypes. *Environmental microbiology reports*, 7(6), 812–823. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12297>
- Santoyo-Gutiérrez E. and Torres-Alvarado I. S. 2010. Escenario Futuro de Explotación de la Energía Geotérmica: Hacia un Desarrollo Sustentable. *Revista Digital Universitaria*. 11:10. Oct. 2010. ISSN: 1067-6079.
- Schelert, J., Rudrappa, D., Johnson, T., & Blum, P. (2013). Role of MerH in mercury resistance in the archaeon *Sulfolobus solfataricus*. *Microbiology (Reading, England)*, 159(Pt 6), 1198–1208. <https://doi.org/10.1099/mic.0.065854-0>
- Schuerger, A. C., Mancinelli, R. L., Kern, R. G., Rothschild, L. J., and McKay, C. P. (2003). Survival of endospores of *Bacillus subtilis* on spacecraft surfaces under simulated martian environments: implications for the forward contamination of Mars. *Icarus* 165, 253–276. doi: 10.1016/S0019-1035(03)00200-8
- SEMARNAT. 2013. Consultado el 20 de agosto del 2022 de: https://apps1.semarnat.gob.mx:8443/dgeia/informe_resumen14/03_suelos/3_3.html
- Setlow P. (2014). Spore Resistance Properties. *Microbiology spectrum*, 2(5), 10.1128/microbiolspec.TBS-0003-2012. <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.TBS-0003-2012>
- Servín-Garcidueñas, L. E., & Martínez-Romero, M. E. (2015). *Estudio metagenómico de microorganismos extremófilos del campo geotérmico de los azufres y diversidad genómica de simbioses de phaseolus e insectos nativos de México*. http://pbidi.unam.mx:8080/login?url=http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&db=cat0_2029a&AN=tes.TES01000734923&lang=es&site=eds-live
- Servín-Garcidueñas, L. E., Garrett, R. A., Amils, R., & Martínez-Romero, E. (2013). Genome Sequence of the Acidophilic Bacterium *Acidocella* sp. Strain MX-AZ02. *Genome announcements*, 1(1), e00041-12. <https://doi.org/10.1128/genomeA.00041-12>
- Shannon C. E. (1997). The mathematical theory of communication. 1963. *M.D. computing : computers in medical practice*, 14(4), 306–317.

- Shen, J., Wyness, A. J., Claire, M. W., & Zerkle, A. L. (2021). Spatial Variability of Microbial Communities and Salt Distributions Across a Latitudinal Aridity Gradient in the Atacama Desert. *Microbial ecology*, 82(2), 442–458. <https://doi.org/10.1007/s00248-020-01672-w>
- Sheng, Y., Bibby, K., Grettenberger, C., Kaley, B., Macalady, J. L., Wang, G., & Burgos, W. D. (2016). Geochemical and Temporal Influences on the Enrichment of Acidophilic Iron-Oxidizing Bacterial Communities. *Applied and environmental microbiology*, 82(12), 3611–3621. <https://doi.org/10.1128/AEM.00917-16>
- Slade, D., & Radman, M. (2011). Oxidative stress resistance in *Deinococcus radiodurans*. *Microbiology and molecular biology reviews: MMBR*, 75(1), 133–191. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00015-10>
- Spang, A., Poehlein, A., Offre, P., Zumbärgel, S., Haider, S., Rychlik, N., Nowka, B., Schmeisser, C., Lebedeva, E. V., Rattei, T., Böhm, C., Schmid, M., Galushko, A., Hatzenpichler, R., Weinmaier, T., Daniel, R., Schleper, C., Spieck, E., Streit, W., & Wagner, M. (2012). The genome of the ammonia oxidizing Candidatus Nitrososphaera gargensis: insights into metabolic versatility and environmental adaptations. *Environmental microbiology*, 14(12), 3122–3145. <https://doi.org/10.1111/j.14622920.2012.02893>
- Steven, B., Gallegos-Graves, L.V., Yeager, C., Belnap, J., and Kuske, C.R. (2014) Common and distinguishing features of the bacterial and fungal communities in biological soil crusts and shrub root zone soils. *Soil Biol Biochem* 69: 302– 312.
- Swingley WD, Meyer-Dombard DR, Shock EL, Alsop EB, Falenski HD, Havig JR, Raymond J: Coordinating environmental genomics and geochemistry reveals metabolic transitions in a hot spring ecosystem. *PLoS One* 2012, 7:e38108.
- Takai, K., Kobayashi, H., Nealson, K. H., & Horikoshi, K. (2003). *Sulfurihydrogenibium subterraneum* gen. nov., sp. nov., from a subsurface hot aquifer. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 53(Pt 3), 823–827. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02506-0>
- Tello-Lopez, Mirna, R., & Suarez-Arriaga, Mario, C. 2000. Geochemical evolution of the Los Azufres, Mexico geothermal reservoir. Part 1: water and salts. *Proceedings World Geothermal Congress 2000*, 2257-2262.
- Thiel V. (2011) Extreme Environments. In: Reitner J., Thiel V. (eds) *Encyclopedia of Geobiology*. *Encyclopedia of Earth Sciences Series*. Springer, Dordrecht. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-9212-1_87
- Torres-Sanchez R, Magaña-Vazquez A, Sanchez-Yañez JM, Martinez-Gomez L (1996) High temperature microbial corrosion in the condenser of a geothermal electric power unit. *CORROSION96 The NACE Int Ann Conf Exp*, No. 293, pp 1–14
- Tschitschko, B., Williams, T. J., Allen, M. A., Zhong, L., Raftery, M. J., & Cavicchioli, R. (2016). Ecophysiological Distinctions of Haloarchaea from a Hypersaline Antarctic Lake as Determined by Metaproteomics. *Applied and environmental microbiology*, 82(11), 3165–3173. <https://doi.org/10.1128/AEM.00473-16>
- Van Der Meer, M. T., Klatt, C. G., Wood, J., Bryant, D. A., Bateson, M. M., Lammerts, L., Schouten, S., Damsté, J. S., Madigan, M. T., & Ward, D. M. (2010). Cultivation and genomic, nutritional, and lipid biomarker characterization of *Roseiflexus* strains closely

- related to predominant in situ populations inhabiting Yellowstone hot spring microbial mats. *Journal of bacteriology*, 192(12), 3033–3042. <https://doi.org/10.1128/JB.01610-09>
- Ventura, M., Canchaya, C., Tauch, A., Chandra, G., Fitzgerald, G. F., Chater, K. F., & van Sinderen, D. (2007). Genomics of Actinobacteriota: tracing the evolutionary history of an ancient phylum. *Microbiology and molecular biology reviews*, 71(3), 495–548.
 - Von Hegner I. (2020). Extremophiles: a special or general case in the search for extra-terrestrial life?. *Extremophiles : life under extreme conditions*, 24(1), 167–175. <https://doi.org/10.1007/s00792-019-01144-1>
 - Williams, T. J., Liao, Y., Ye, J., Kuchel, R. P., Poljak, A., Raftery, M. J., & Cavicchioli, R. (2017). Cold adaptation of the Antarctic haloarchaea *Halohasta litchfieldiae* and *Halorubrum lacusprofundi*. *Environmental microbiology*, 19(6), 2210–2227. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.13705>
 - Xue, Q., Zhao, D., Zuo, Z., Zhou, J., & Xiang, H. (2021). *Natronorubrum halalkaliphilum* sp. nov., a haloalkaliphilic archaeon isolated from soda lake in Inner Mongolia Autonomous Region, China. *Archives of microbiology*, 203(5), 2335–2342. <https://doi.org/10.1007/s00203-021-02207-8>
 - Yan, Z. F., Lin, P., Chu, X., Kook, M., Li, C. T., & Yi, T. H. (2016). *Aeromicrobium halotolerans* sp. nov., isolated from desert soil sample. *Archives of microbiology*, 198(5), 423–427. <https://doi.org/10.1007/s00203-016-1196-6>
 - Yang, R., Liu, G., Chen, T., Li, S., An, L., Zhang, G., Li, G., Chang, S., Zhang, W., Chen, X., Wu, X., & Zhang, B. (2019). Characterization of the genome of a *Nocardia* strain isolated from soils in the Qinghai-Tibetan Plateau that specifically degrades crude oil and of this biodegradation. *Genomics*, 111(3), 356–366. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2018.02.010>
 - Yassin, A. F. (2003). *Corynebacterium glaucum* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 53 (3): 705–9. [doi:10.1099/ijs.0.02394-0](https://doi.org/10.1099/ijs.0.02394-0). PMID 12807190
 - Ye, J., Lin, D., Zhang, M., Lin, T. H., Sun, J., Wang, D., & Tang, K. (2020). *Paracoccus aurantiacus* sp. nov., isolated from shallow-sea hydrothermal systems off Kueishantao Island. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 70(4), 2554–2559. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004068>
 - Yin, X. M., Yang, X. Y., Hou, J., Zhu, L., & Cui, H. L. (2020). *Natronomonas halophila* sp. nov. and *Natronomonas salina* sp. nov., two novel halophilic archaea. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 70(11), 5686–5692. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004463>
 - Zhang, C. M., Huang, X. W., Pan, W. Z., Zhang, J., Wei, K. B., Klenk, H. P., Tang, S. K., Li, W. J., & Zhang, K. Q. (2011). *Anoxybacillus tengchongensis* sp. nov. and *Anoxybacillus eryuanensis* sp. nov., facultatively anaerobic, alkalitolerant bacteria from hot springs. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 61(Pt 1), 118–122. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.020834-0>

ANEXO 1: Scripts del procesamiento de datos en QIIME2

Datos de Amplicones del gen ARNr 16S

El procesamiento fue el mismo tanto en los tres tipos de muestra de Desierto, como en las muestras de los dos sitios del campo geotérmico de Los Azufres. Para las muestras de Los Azufres, se utilizó la versión QIIME2 v. 2020.8.0 y para las muestras de Desiertos, la versión QIIME2 v. 2022.2.0 que era la más reciente en cada caso.

Para la asignación taxonómica de Los Azufres, las 4 muestras de cada tipo se utilizaron como réplicas para el mismo análisis y se procesaron por separado las muestras de Manantiales de Marítaro y de Los Balnearios termales. Para las muestras de desierto se hizo con las 3 réplicas de TC, 3 réplicas de las dunas del Desierto de altar y 2 réplicas de las CS del desierto de Sonora, también por separado.

Adicional a esto, se llevó a cabo un análisis de diversidad alfa, beta entre sitios y un análisis de abundancia diferencial ANCOM entre sitios.

#Primero les cambié los nombres a los archivos .fastq a formato casava, con el código:

#EJEMPLO:

#TC1 para TC, S1 para muestra 1 y L001 para el lote, R1 y R2 para designar

#secuencias sentido y reversas respectivamente.

#Archivos:

#TC1_S1_L001_R2_001.fastq.gz

#TC1_S1_L001_R1_001.fastq.gz

#Para revisar calidades descomprimí los archivos:

nohup gunzip TC1_S1_L001_R1_001.fastq.gz &

nohup gunzip TC1_S1_L001_R2_001.fastq.gz &

#Después revisé las calidades con fastqc

nohup fastqc TC1_S1_L001_R1_001.fastq TC1_S1_L001_R2_001.fastq -o . &

#Utilicé Trimmomatic para filtrar y quitar adaptadores con el siguiente comando:

nohup java -jar [Ruta del programa/trimmomatic-0.39.jar](#) PE [Ruta del archivo/Nombre del archivo1.fastq](#) [Ruta del archivo/Nombre del archivo2.fastq](#) [Nombre de salida1.Tp.fastq](#) [Nombre de salida1.Tu.fastq](#) [Nombre de salida2.Tp.fastq](#) [Nombre de salida2.Tu.fastq](#) ILLUMINACLIP:TrueSeq3-PE.fa:2:30:10 LEADING:3 TRAILING:3 SLIDINGWINDOW:4:20 MINLEN:36 &

#Para hacer el filtrado con mínimo puntaje de 20

#Luego obtuve los fastqc de cada archivo “tp” resultante, para revisarlas, con el

#comando siguiente, dentro de trimmomatic:

nohup fastqc [Nombre de archivo1.Tp.fastq](#) [Nombre de archivo2.Tp.fastq](#)

```

#Descargué y revisé los archivos .html en la red para corroborar.
#Ahora bajé los archivos tp, les cambio el nombre a los archivos al mismo formato
#cassava y los subí a la carpeta qiime2. Estos archivos ya están filtrados por calidad.

#Luego las comprimí a .gz para poder usarlas en el servidor en qiime2.

gzip *.fastq

#A partir de este punto, activé qiime2 en su última versión en el servidor:
#v. 2020.8.0/ v. 2022.2.0

conda activate qiime2-2022.2

#Luego, para importar los archivos en formato cassava, desde la carpeta "qiime2":

qiime tools import --type 'SampleData[PairedEndSequencesWithQuality]' --input-path
Ruta de los archivos --input-format CasavaOneEightSingleLanePerSampleDirFmt --
output-path demux-paired-end.qza

#Y después corrí el siguiente comando para generar un archivo de visualización:

qiime demux summarize --i-data demux-paired-end.qza --o-visualization demux-paired-
end.qzv

#Descargué "demux-paired-end.qzv" y lo visualicé, corroborando que todas las
#secuencias están por arriba de un puntaje de 20.

#Se llevó a cabo la eliminación de ruido y de quimeras con DADA2, cortando las
#secuencias hasta una longitud de 290 ya que hasta ese número conservan buena
#calidad.

qiime dada2 denoise-single --i-demultiplexed-seqs demux-paired-end.qza --p-trim-left 0 -
-p-trunc-len 290 --p-n-threads 22 --output-dir Dada2 --verbose

#Me metí a mi carpeta nueva que se creó "Dada2" y corrí el siguiente comando para
#hacer la asignación taxonómica:

qiime feature-classifier classify-consensus-vsearch --i-query Ruta del archivo/silva-138-
99-seqs.qza --i-reference-taxonomy Ruta del archivo/silva-138-99-tax.qza --p-threads 22
--output-dir vsearch_tax --verbose

#Después el siguiente comando para generar la tabla de información visualizable hasta
#este paso:

qiime feature-table summarize --i-table table.qza --o-visualization table.qzv

#Y el siguiente comando para ver la tabla resumen del proceso de denoising:

qiime metadata tabulate --m-input-file denoising_stats.qza --o-visualization
denoising_stats.qzv

```

#Después visualicé el archivo .qzv resultante, para tomar los datos de número de #secuencias filtradas y resultantes.

#Para llevar a cabo el análisis filogenético, llevé a cabo los siguientes pasos.

Alineamiento

```
qiime alignment mafft --i-sequences representative_sequences.qza --p-n-threads 22 --verbose --o-alignment alig.qza &
```

Filtrar alineamiento

```
qiime alignment mask --i-alignment alig.qza --o-masked-alignment masked.qza --verbose &
```

Filogenia

```
nohup qiime phylogeny Fast Tree --i-alignment masked.qza --p-n-threads 22 --o-tree tree.qza &
```

###Dentro Vsearch_taxonomy

```
qiime tools export --input-path classification.qza --output-path taxonomy
```

```
qiime metadata tabulate --m-input-file classification.qza --o-visualization classification.qzv
```

#Obtuve la metadata del archivo de visualización “demux-paired-end.qzv” Para utilizar el siguiente comando y obtener información taxonómica visualizable:

```
qiime taxa barplot \  
  --i-table table.qza \  
  --i-taxonomy classification.qza \  
  --m-metadata-file Ruta de archivo/metadata.tsv \  
  --o-visualization taxa-bar-plots.qzv
```

#Ahora visualicé el archivo “taxa-bar-plots.qzv” en: <https://view.qiime2.org/>

#Para generar el árbol filogenético, utilicé el comando:

```
qiime phylogeny align-to-tree-mafft-Fast Tree --i-sequences filtered-sequences/filtered-rep-seqs.qza --o-alignment aligned-rep-seqs.qza --o-masked-alignment masked-aligned-rep-seqs.qza --o-tree unrooted-tree.qza --o-rooted-tree rooted-tree.qza
```

#Después:

```
qiime diversity alpha-rarefaction --i-table filtered-sequences/table.qza --o-visualization alpha-rarefaction.qzv --p-max-depth 62487
```

#El dato de max depth lo obtuve de table.qzv

#Y luego visualicé en <https://view.qiime2.org>

#Luego obtuve el árbol filogenético con el comando:

```
qiime empres community-plot --i-tree rooted-tree.qza --i-feature-table filtered-sequences/table.qza --m-sample-metadata-file /Part1/lservin/Cristal/tierra_caliente/metadata.tsv --m-feature-metadata-file classification.qza --o-visualization rooted-tree.qzv
```

#Para obtener alfa y beta diversidad, se utilizaron los siguientes comando:

```
qiime empres community-plot --i-tree rooted-tree.qza --i-feature-table Ruta de archivo/table.qza --m-sample-metadata-file Ruta de archivo/metadata.tsv --m-feature-metadata-file classification.qza --o-visualization rooted-tree.qzv
```

```
qiime diversity core-metrics-phylogenetic --i-phylogeny rooted-tree.qza --i-table Ruta de archivo /table.qza --p-sampling-depth 8100 --m-metadata-file Ruta de archivo/metadata.tsv --output-dir diversity-metrics-results
```

```
qiime diversity alpha-group-significance --i-alpha-diversity diversity-metrics-results/faith_pd_vector.qza --m-metadata-file Ruta de archivo/metadata.tsv --o-visualization diversity-metrics-results/faith-pd-group-significance.qzv
```

```
qiime diversity alpha-group-significance --i-alpha-diversity diversity-metrics-results/shannon_vector.qza --m-metadata-file Ruta de archivo/metadata.tsv --o-visualization diversity-metrics-results/shannon-group-significance.qzv
```

#La diversidad beta se midió con el método UNIFRAC Ponderado que considera las #abundancias. Dada la matriz de distancias, podemos agregar significancia estadística #usando un PERMANOVA, entonces, para la característica "sitio" se llevó a cabo con el #siguiente comando:

```
qiime diversity beta-group-significance --i-distance-matrix diversity-metrics-results/weighted_unifrac_distance_matrix.qza --m-metadata-file Ruta de archivo/metadata.tsv --m-metadata-column sitio --o-visualization diversity-metrics-results/weighted-unifrac-sitio-significance.qzv --p-pairwise
```

```
qiime beta-phylogenetic --i-phylogeny rooted-tree.qza --i-table Ruta de archivo/table.qza --p-sampling-depth 8100 --m-metadata-file Ruta de archivo/metadata.tsv --output-dir diversity-metrics-results]
```

#Ahora obtuve el archivo de visualización del PCA con el comando:

```
qiime emperor plot --i-pcoa diversity-metrics-results/weighted_unifrac_pcoa_results.qza -m-metadata-file Ruta de archivo/metadata.tsv --o-visualization diversity-metrics-results/weighted-unifrac-emperor-sitio.qzv
```

Para el análisis de abundancia diferencial DEICODE se utilizó el comando:

```
qiime deicode rpca --i-table Ruta de archivo/table.qza --p-min-feature-count 10 --p-min-sample-count 500 --o-biplot ordination-Deicode.qza --o-distance-matrix distance-Deicode.qza
```

#Para obtener el archivo de visualización:

```
qiime emperor biplot --i-biplot ordination-Deicode.qza --m-sample-metadata-file Ruta de archivo/metadata.tsv --m-feature-metadata-file classification.qza --o-visualization biplot.qzv --p-number-of-features 8
```

#Dada la matriz de distancias, podemos agregar significancia estadística usando un #PERMANOVA, entonces, para la característica "sitio" se llevó a cabo con el siguiente #comando:

```
qiime diversity beta-group-significance --i-distance-matrix distance-Deicode.qza --m-metadata-file Ruta de archivo/metadata.tsv --m-metadata-column sitio --p-method permanova --o-visualization BodySite_significance-Deicode.qzv
```

Se utilizó el análisis ANCOM para identificar las características que son diferencialmente abundantes en los grupos de muestra. Esta herramienta asume que menos del 25 % de todas las funciones cambian entre grupos. Con el comando:

```
qiime composition add-pseudocount --i-table Ruta de archivo/table.qza --o-composition-table ancom.qza
```

Y para visualizar:

```
qiime composition ancom --i-table ancom.qza --m-metadata-file Ruta de archivo/metadata.tsv --m-metadata-column sitio --o-visualization ancom-sitio.qzv
```

ANEXO 2: Géneros identificados en Los Azufres Michoacán, sin identificaciones en antecedentes previos.

Dominio	Filo	Clase	Orden	Familia	Género
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	<i>Acidicapsa</i>
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	<i>Acidipila</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Actinobacillus</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Aeromonadales	Aeromonadaceae	<i>Aeromonas</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Alteromonadales	Alteromonadaceae	<i>Alteromonas</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Amaricoccus</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Amylibacter</i>
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Anoxybacillus</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	<i>Aquamicrobium</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Acidocella</i>
Bacteria	Bdellovibrionota	Bdellovibrionia	Bacteriovorales	Bacteriovoraceae	<i>Bacteriovorax</i>
Bacteria	Bdellovibrionota	Bdellovibrionia	Bdellovibrionales	Bdellovibrionaceae	<i>Bdellovibrio</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Frankiales	Geodermatophilaceae	<i>Blastococcus</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Alcaligenaceae	<i>Bordetella</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Bosea</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Brevibacteriaceae	<i>Brevibacterium</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Caulobacterales	Caulobacteraceae	<i>Brevundimonas</i>
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Amoebophilaceae	<i>Ca. Amoebophilus</i>
Bacteria	Patescibacteria	Parcubacteria	ND	ND	<i>Ca. Kaiserbacteria</i>
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Koribacteraceae	<i>Ca. Koribacter</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rickettsiales	Rickettsiaceae	<i>Ca. Megaira</i>
Bacteria	Patescibacteria	Parcubacteria	ND	ND	<i>Ca. Moranbacteria</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Gammaproteobacteria	ND	<i>Ca. Ovatusbacter</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Paracaedibacterales	Paracaedibacteraceae	<i>Ca. Paracaedibacter</i>
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Solibacterales	Solibacteraceae	<i>Ca. Solibacter</i>
Bacteria	Armatimonadota	Chthonomonadetes	Chthonomonadales	Chthonomonadaceae	<i>Chthonomonas</i>
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	<i>Cloacibacterium</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Coriobacteriia	Coriobacteriales	Coriobacteriaceae	<i>Collinsella</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacterales	Corynebacteriaceae	<i>Corynebacterium</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Acetobacterales	Acetobacteraceae	<i>Craurococcus</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Microbacteriaceae	<i>Curtobacterium</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Propionibacteriales	Propionibacteriaceae	<i>Cutibacterium</i>
Bacteria	Desulfobacterota	Syntrophobacteria	Syntrophobacterales	Syntrophobacteraceae	<i>Desulfovira</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacterales	Dietziaceae	<i>Dietzia</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Xanthomonadales	Rhodanobacteraceae	<i>Dyella</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Enhydrobacter</i>
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Aerococcaceae	<i>Facklamia</i>
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Dysgonomonadaceae	<i>Fermentimonas</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Rhodocyclaceae	<i>Ferribacterium</i>
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Flavobacterium</i>
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Acidobacteriaceae	<i>Granulicella</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Haemophilus</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Microbacteriaceae	<i>Herbiconiux</i>
Bacteria	Aquificota	Aquificae	Aquificales	Aquificaceae	<i>Hydrogenobacter</i>
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Cytophagales	Hymenobacteraceae	<i>Hymenobacter</i>
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Staphylococcales	Staphylococcaceae	<i>Jeotgalicoccus</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Kocuria</i>
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Kurthia</i>

Bacteria	Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiae	Opitutales	Opitutaceae	<i>Lacunisphaera</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Corynebacteriales	Corynebacteriaceae	<i>Lawsonella</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Legionellales	Legionellaceae	<i>Legionella</i>
Bacteria	Acidobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Microbacteriaceae	<i>Leucobacter</i>
Bacteria	Thermotogota	Thermotogae	Mesoaciditogales	Mesoaciditogaceae	<i>Mesoaciditoga</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Methylobacterium</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Micrococcus</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Enterobacteriales	Morganellaceae	<i>Morganella</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Acidobacteriotaceae	<i>Occallatibacter</i>
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Paludibacteraceae	<i>Paludibacter</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Stappiaceae	<i>Pannonibacter</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Paracoccus</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Planktomarina</i>
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Planococcaceae	<i>Planococcus</i>
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Pseudarthrobacter</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Micropepsales	Micropepsaceae	<i>Rhizomicrobium</i>
Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Peptostreptococcales	Peptostreptococcaceae	<i>Romboutsia</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Roseiarcus</i>
Bacteria	Chloroflexi	Chloroflexia	Chloroflexales	Roseiflexaceae	<i>Roseiflexus</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Rubellimicrobium</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Schlegelella</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Thermoleophilia	Solirubrobacterales	Solirubrobacteraceae	<i>Solirubrobacter</i>
Bacteria	Proteobacteria	Alphaproteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Sphingopyxis</i>
Bacteria	Spirochaetota	Spirochaetia	Spirochaetales	Spirochaetaceae	<i>Spirochaeta</i>
Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Staphylococcales	Staphylococcaceae	<i>Staphylococcus</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Sulfurimonadaceae	<i>Sulfuriferula</i>
Bacteria	Aquificota	Aquificae	Hydrogenothermales	Hydrogenothermaceae	<i>Sulfurihydrogenibium</i>
Bacteria	Campilobacterota	Campylobacteria	Campylobacteriales	Sulfurimonadaceae	<i>Sulfurimonas</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Rhodocyclaceae	<i>Sulfuritalea</i>
Bacteria	Desulfobacterota	Syntrophobacteria	Syntrophobacteriales	Syntrophobacteraceae	<i>Syntrophobacter</i>
Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Burkholderiales	Hydrogenophilaceae	<i>Tepidiphilus</i>
Bacteria	Actinobacteriota	Actinobacteriota	Micrococcales	Intrasporangiaceae	<i>Terrabacter</i>
Bacteria	Acidobacteriota	Acidobacteriota	Acidobacteriales	Acidobacteriotaceae	<i>Terriglobus</i>
Bacteria	Bacteroidota	Bacteroidia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Ulvibacter</i>

*ND=No determinado **Ca. =Candidatus

ANEXO 3: Artículos publicados

Bacterial Diversity Profiling of Desert Sand from Tierra Caliente, Mexico, Based on 16S rRNA Gene Amplicon Sequencing

Ramos-Madrigal, C., Martínez-Romero, E., Tapia-Torres, Y., & Servín-Garcidueñas, L. E. (2022). Bacterial Diversity Profiling of Desert Sand from Tierra Caliente, Mexico, Based on 16S rRNA Gene Amplicon Sequencing. *Microbiology resource announcements*, 11(9), e0078222. <https://doi.org/10.1128/mra.00782-22>

El microbioma de la arena de la región desértica de Tierra Caliente en Michoacán había permanecido inexplorado hasta el momento. Los análisis de una primera muestra tomada de sedimento desértico en esta región permitieron identificar un gran número de taxones bacterianos que coinciden con aquellos encontrados en otras regiones desérticas del mundo.

En este artículo se describen los métodos empleados para la secuenciación de amplicones de genes ribosomales 16S de una muestra localizada en la Reserva de la Biósfera Zicuirán- Infiernillo, en Tierra Caliente, así como el procesamiento bioinformático que se llevó a cabo y los grupos taxonómicos más abundantes, identificados en la muestra. Fueron encontradas bacterias y arqueas, dentro de las cuales, figuran algunas de las más conocidas por su capacidad de resistencia a condiciones desérticas.



Bacterial Diversity Profiling of Desert Sand from Tierra Caliente, Mexico, Based on 16S rRNA Gene Amplicon Sequencing

Cristal Ramos-Madrigal,^a  Esperanza Martínez-Romero,^b Yunuen Tapia-Torres,^a Luis E. Servín-Garcidueñas^a

^aLaboratorio de Microbiómica, Escuela Nacional de Estudios Superiores Unidad Morelia, UNAM, Morelia, Michoacán, México

^bPrograma de Ecología Genómica, Centro de Ciencias Genómicas, UNAM, Cuernavaca, Morelos, México

ABSTRACT Tierra Caliente is an arid region in Mexico, representing a reservoir of understudied xerophilic bacteria. Here, we report the bacterial amplicon sequencing characterization of desert sand collected from the Zicuirán-Infiernillo Biosphere Reserve within Tierra Caliente. Bacteria known to be resistant to desiccation and high radiation were detected.

Deserts are one of the most common biomes in the world, covering about a fifth of the surface of the planet (1). Xerophilic microorganisms are extremophiles that can survive and grow with low water availability, conditions present in arid environments, and their study is relevant for understanding resistance mechanisms (2). In Mexico, the Tierra Caliente region contains low-elevation areas characterized by high temperatures and low precipitation. The bacterial diversity of this region has remained unexplored until recently.

A 30-g sample of surface sand was collected from the Zicuirán-Infiernillo Biosphere Reserve (18°46'30"N, 102°0'52"W; 170 m above sea level [masl], 35°C, and 50% humidity), in the region of Tierra Caliente, Michoacán, in October 2021. Sand was collected at a maximum depth of 1 cm using a disinfected and flame-sterilized shovel, sterile gloves, and face masks and stored in sterile 50-mL Falcon tubes. DNA extraction was performed using the DNeasy PowerSoil Pro kit (Qiagen) following the manufacturer's instructions. The V3 to V4 region of bacterial 16S rRNA genes was amplified using the primers 341F (5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3') and 805R (5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3') (3). The PCR protocol comprised an initial denaturation at 95°C for 3 min, 25 cycles at 95°C for 30 s, annealing at 55°C for 30 s, and extension at 72°C for 30 s, followed by a final extension at 72°C for 5 min. The PCR products were purified using AMPure XP beads (Beckman Coulter, Inc., Fullerton, CA, USA); the Nextera XT index kit (Illumina) was used for library preparation, and the resulting sample was quantified using the Qubit double-stranded DNA (dsDNA) assay kit (Life Technologies, USA). Sequencing was performed using a MiSeq platform with 300-bp paired-end format (Macrogen Co., Seoul, South Korea). The reads were assessed using FastQC v.0.11.8 (with default settings) (4) and were filtered for quality (scores of \geq Q20) and adaptor sequences using Trimmomatic v.0.39 (5). The reads were further processed using the QIIME2 v.2020.8.0 pipeline (6, 7). The q2-dada2 plugin and denoise-single method (8) were used to eliminate noise and chimeras. Amplicon sequence variants (ASVs) were taxonomically assigned using the q2-feature-classifier plugin and the classify-consensus-vsearch method (9) with the SILVA database v.138 SSURef Nr99 (10) as the reference.

The raw sequencing output was 198,556 paired-end reads. After filtering, 98,885 high-quality reads clustered in 1,500 valid ASVs. Taxonomic assignment showed the predominance of the phylum *Actinobacteriota* (35.60%), followed by the phyla *Proteobacteria* (13.77%), *Chloroflexi* (12.95%), *Acidobacteriota* (9.30%), *Firmicutes* (7.07%), *Planctomycetota* (6.22%), *Bacteroidota* (3.54%), and *Gemmatimonadota* (3.13%). This bacterial profile is consistent with those of other arid regions (11–18). The most abundant genera were *Rubrobacter* (7.7%), *Microvirga* (2.26%), *Bacillus* (2.15%), *Solirubrobacter* (1.48%), and *Geodermatophilus* (1.26%), some of which contain bacteria that have been reported to be highly resistant

Editor Julia A. Maresca, University of Delaware

Copyright © 2022 Ramos-Madrigal et al. This is an open-access article distributed under the terms of the [Creative Commons Attribution 4.0 International license](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).

Address correspondence to Luis E. Servín-Garcidueñas, lservin@enesmorelia.unam.mx.

The authors declare no conflict of interest.

Received 28 July 2022

Accepted 12 August 2022

to radiation (19, 20). The data also showed archaeal sequences (fewer than 0.1%) corresponding to the phyla *Thermoplasmatota* and *Crenarchaeota*.

This 16S rRNA gene amplicon sequencing profile is the first reported within this extreme arid region and a valuable resource for future microbial diversity research on Mexican deserts.

Data availability. The sequencing data have been deposited in the Sequence Read Archive (SRA) under the accession number [SRR19787797](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRR19787797) (BioProject accession number [PRJNA851896](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/PRJNA851896)).

ACKNOWLEDGMENTS

This work was supported by grants to L.E.S.-G. from PAPIIT-UNAM (IA210617 and IA208019) and by a grant to Y.T.-T. from PAPIIME-UNAM (PE206922). C.R.-M. is a master's student from the Programa de Posgrado en Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) supported by a fellowship from CONACyT-Mexico (number 1084853).

REFERENCES

- Laity JJ. 2009. Deserts and desert environments. Wiley-Blackwell, Chichester, UK.
- Imshenetsky AA, Pisarenko NF, Kuziurina LA, Yakshina VM. 1977. Physiology of xerophytic micro-organisms growing under Martian conditions. *Life Sci Space Res* 15:47–52.
- Herlemann DP, Labrenz M, Jurgens K, Bertilsson S, Wanek JJ, Andersson AF. 2011. Transitions in bacterial communities along the 2000 km salinity gradient of the Baltic Sea. *ISME J* 5:1571–1579. <https://doi.org/10.1038/ismej.2011.41>.
- Andrews S. 2010. FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data. <https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc>.
- Bolger AM, Lohse M, Usadel B. 2014. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* 30:2114–2120. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>.
- Caporaso JG, Kuczynski J, Stombaugh J, Bittinger K, Bushman FD, Costello EK, Fierer N, Peña AG, Goodrich JK, Gordon JI, Huttley GA, Kelley ST, Knights D, Koenig JE, Ley RE, Lozupone CA, McDonald D, Muegge BD, Pirrung M, Reeder J, Sevinsky JR, Turnbaugh PJ, Walters WA, Widmann J, Yatsunenko T, Zaneveld J, Knight R. 2010. QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. *Nat Methods* 7:335–336. <https://doi.org/10.1038/nmeth.f.303>.
- Bolyen E, Rideout JR, Dillon MR, Bokulich NA, Abnet CC, Al-Ghalith GA, Alexander H, Alm EJ, Arumugam M, Asnicar F, Bai Y, Bisanz JE, Bittinger K, Brejnrod A, Brislawn CJ, Brown CT, Callahan BJ, Caraballo-Rodríguez AM, Chase J, Cope EK, Da Silva R, Diener C, Dorrestein PC, Douglas GM, Durall DM, Duvallet C, Edwardson CF, Ernst M, Estaki M, Fouquier J, Gauglitz JM, Gibbons SM, Gibson DL, Gonzalez A, Gorlick K, Guo J, Hillmann B, Holmes S, Holste H, Huttenhower C, Huttley GA, Janssen S, Jarmusch AK, Jiang L, Kaehler BD, Kang KB, Keefe CR, Keim P, Kelley ST, Knights D, et al. 2019. Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME2. *Nat Biotechnol* 37:852–857. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0209-9>.
- Callahan BJ, McMurdie PJ, Rosen MJ, Han AW, Johnson AJ, Holmes SP. 2016. DADA2: high-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nat Methods* 13:581–583. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3869>.
- Rognes T, Flouri T, Nichols B, Quince C, Mahé F. 2016. VSEARCH: a versatile open source tool for metagenomics. *PeerJ* 4:e2584. <https://doi.org/10.7717/peerj.2584>.
- Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, Gerken J, Schweer T, Yarza P, Peplies J, Glöckner FO. 2013. The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and Web-based tools. *Nucleic Acids Res* 41:D590–D596. <https://doi.org/10.1093/nar/gks1219>.
- Connon SA, Lester ED, Shafaat HS, Obenhuber DC, Ponce A. 2007. Bacterial diversity in hyperarid Atacama Desert soils. *J Geophys Res* 112:G04S17. <https://doi.org/10.1029/2006JG000311>.
- Makhalanyane TP, Valverde A, Lacap DC, Pointing SB, Tuffin MI, Cowan DA. 2013. Evidence of species recruitment and development of hot desert hypolithic communities. *Environ Microbiol Rep* 5:219–224. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12003>.
- Shen J, Wyness AJ, Claire MW, Zerkle AL. 2021. Spatial variability of microbial communities and salt distributions across a latitudinal aridity gradient in the Atacama Desert. *Microb Ecol* 82:442–458. <https://doi.org/10.1007/s00248-020-01672-w>.
- Cao H, Nie Y, Zeng XC, Xu L, He Z, Luo X, Wu R. 2014. *Pontibacter yuliensis* sp. nov., isolated from soil. *Int J Syst Evol Microbiol* 64:968–972. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.055004-0>.
- Bahl J, Lau MC, Smith GJ, Vijaykrishna D, Cary SC, Lacap DC, Lee CK, Papke RT, Warren-Rhodes KA, Wong FK, McKay CP, Pointing SB. 2011. Ancient origins determine global biogeography of hot and cold desert cyanobacteria. *Nat Commun* 2:163. <https://doi.org/10.1038/ncomms1167>.
- Lacap DC, Warren-Rhodes KA, McKay CP, Pointing SB. 2011. Cyanobacteria and chloroflexi-dominated hypolithic colonization of quartz at the hyper-arid core of the Atacama Desert, Chile. *Extremophiles* 15:31–38. <https://doi.org/10.1007/s00792-010-0334-3>.
- Li J-Y, Jin X-Y, Zhang X-C, Chen L, Liu J-L, Zhang H-M, Zhang X, Zhang Y-F, Zhao J-H, Ma Z-S, Jin D. 2020. Comparative metagenomics of two distinct biological soil crusts in the Tengger Desert, China. *Soil Biol Biochem* 140:107637. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2019.107637>.
- Chanal A, Chapon V, Benzerara K, Barakat M, Christen R, Achouak W, Barras F, Heulin T. 2006. The desert of Tataouine: an extreme environment that hosts a wide diversity of microorganisms and radiotolerant bacteria. *Environ Microbiol* 8:514–525. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2005.00921.x>.
- Rainey FA, Ray K, Ferreira M, Gatz BZ, Nobre MF, Bagaley D, Rash BA, Park MJ, Earl AM, Shank NC, Small AM, Henk MC, Battista JR, Kämpfer P, da Costa MS. 2005. Extensive diversity of ionizing-radiation-resistant bacteria recovered from Sonoran Desert soil and description of nine new species of the genus *Deinococcus* obtained from a single soil sample. *Appl Environ Microbiol* 71:5225–5235. <https://doi.org/10.1128/AEM.71.9.5225-5235.2005>.
- Yu LZ-H, Luo X-S, Liu M, Huang Q. 2015. Diversity of ionizing radiation-resistant bacteria obtained from the Taklimakan Desert. *J Basic Microbiol* 55:135–140. <https://doi.org/10.1002/jobm.201300390>.

Metagenome-Assembled Genome of *Acidibrevibacterium fodinaquatile* FLA01 from Fumarole Sediments from the Los Azufres Geothermal Field

Bolivar-Torres, H. H., Marín-Paredes, R., Ramos-Madrigal, C., & Servín-Garcidueñas, L. E. (2022). Metagenome-Assembled Genome of *Acidibrevibacterium fodinaquatile* FLA01 from Fumarole Sediments from the Los Azufres Geothermal Field. *Microbiology resource announcements*, e0082322. Advance online publication. <https://doi.org/10.1128/mra.00823-22>

La diversidad genómica bacteriana de distintos sitios de manantiales termales y fumarolas del campo geotérmico de Los Azufres ha sido analizada por nuestro grupo de trabajo desde hace algunos años, en el laboratorio de Microbiómica de la ENES, Morelia de la UNAM.

En este artículo, informamos un proyecto de secuenciación del genoma de *Acidibrevibacterium fodinaquatile* FLA01 obtenido de un metagenoma de sedimento de fumarolas termales de la región de Los Balnearios.



Metagenome-Assembled Genome of *Acidibrevibacterium fodinaquatile* FLA01 from Fumarole Sediments from the Los Azufres Geothermal Field

Hermes H. Bolivar-Torres,^a Roberto Marín-Paredes,^a Cristal Ramos-Madrigal,^a  Luis E. Servín-Garcidueñas^a

^aLaboratorio de Microbiómica, Escuela Nacional de Estudios Superiores Unidad Morelia, UNAM, Morelia, Michoacán, México

ABSTRACT The Los Azufres geothermal field contains diverse microbial communities inhabiting thermal springs whose bacterial genomic diversity is being analyzed. Here, we describe a metagenome-assembled genome of *Acidibrevibacterium fodinaquatile* FLA01 obtained from fumarole sediment sequencing data. The genome contained genes for carbon fixation, osmotic shock, and heavy metal resistance.

The genus *Acidibrevibacterium* belongs to the family *Acetobacteraceae* and was first described in samples from acid mine drainage in China (1). To date, only the genome of *Acidibrevibacterium fodinaquatile* strain G45-3 is available in the GenBank database. Here, we report a draft genome sequence of *Acidibrevibacterium fodinaquatile* FLA01 obtained from a sediment metagenome.

A 20-gram fumarole sediment sample (56°C pH 3.8) was collected at the Los Azufres geothermal field in Western Mexico (19.7816° N 100.6577° W) in April of 2019. Sediment was collected at a maximum depth of 0.5 cm and stored in sterile 50 mL Falcon tubes. DNA extraction was performed using the DNeasyPowerSoil Pro kit (Qiagen) following the manufacturer's instructions. A library was prepared using the TruSeq Nano DNA (350) prep kit (Illumina). The library was sequenced producing paired-end 250-bp reads on an Illumina HiSeq2500 instrument (Macrogen Co., Seoul, South Korea). Reads were filtered for quality (>Q30) with Trimmomatic v.0.39 (2). Reads were iteratively mapped against the *A. fodinaquatile* G45-3 genome (GenBank GCA_003352165.1) using bowtie2 v.2.3.4.3 (3). Mapped reads were assembled *de novo* with SPAdes v.3.15.2 (4). Contigs contamination was assessed using CheckM v.1.0.13 (5). Scaffolding was performed with the MeDuSa v.1.6 web server (<http://combo.dbe.unifi.it/medusa>) (6). Gap filling was done with GMcloser v.1.6.2 (7) and sealer v.2.1.5 (8). The final assembly was reviewed with Quast v.5.0.2 (9). All tools were run with default parameters. MAG annotation was performed using the NCBI Prokaryotic Genome Annotation Pipeline (PGAP) v.5.2 (10). The 16S rRNA sequence similarity, average nucleotide identity (ANI), and digital DNA-DNA hybridization (dDDH) values were calculated using BLAST v.2.13.0 local service (11), JspeciesWS (<https://jspecies.ribohost.com/jspeciesws/#analyse>) (12), and the Genome-to-Genome Distance Calculator (GGDC) v.3.0 (<https://ggdc.dsmz.de/ggdc.php>) (13), respectively.

A 3,760,223-bp draft MAG comprising 452 contigs (N_{50} 62,809 bp), with a GC content of 65.5%, and genome coverage of 33 \times , was obtained. After scaffolding, the MAG consists of 57 scaffolds containing 3,779,387-bp (N_{50} 3,603,386). The MAG was estimated to be 99.25% complete, with no detected contamination. MAG annotation predicted 3,786 genes, some of them related to heat and osmotic shock, phosphate transport, and several ABC transporters. In addition, genes predicted to be involved in carbon fixation, sulfur metabolism, and heavy metal resistance were detected. Compared to the *A. fodinaquatile* G45-3 genome, 16S rRNA sequence similarity (100%), ANI (98.43% %), and dDDH (87.30%) values (14) indicate that the recovered MAG belongs to the species *A. fodinaquatile*. This study allowed the identification of

Editor Julia A. Maresca, University of Delaware

Copyright © 2022 Bolivar-Torres et al. This is an open-access article distributed under the terms of the [Creative Commons Attribution 4.0 International license](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).

Address correspondence to Luis E. Servín-Garcidueñas, lservin@enesmorelia.unam.mx.

The authors declare no conflict of interest.

Received 10 August 2022

Accepted 14 September 2022

the genus *Acidibrevibacterium* in the Los Azufres geothermal field. The obtained MAG may be useful for comparative analyses.

Data availability. The MAG of *Acidibrevibacterium* sp. FLA01 and its annotation are available in NCBI GenBank under accession numbers [GCA_020418435](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/GCA_020418435) and [JAIZPH000000000](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/JAIZPH000000000). The MAG raw reads are available in NCBI Sequence Read Archive (SRA) under accession number [SRR15652788](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRR15652788). Metagenomic sequencing data are available in SRA under accession number [SRR17356570](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/SRR17356570) (BioProject number [PRJNA486381](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/PRJNA486381)).

ACKNOWLEDGMENTS

This work was supported by grants to L.E.S.-G. from PAPIIT-UNAM (IA210617 and IA208019). H.H.B.-T., R.M.-P., and C.R.-M. are graduate students from Programa de Posgrado en Ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM) and were supported by fellowships from CONACyT-Mexico.

REFERENCES

- Muhadesi JB, Huang Y, Wang BJ, Jiang CY, Liu SJ. 2019. *Acidibrevibacterium fodinaquatile* gen. nov., sp. nov., isolated from acidic mine drainage. *Int J Syst Evol Microbiol* 69:3248–3255. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.003618>.
- Bolger AM, Lohse M, Usadel B. 2014. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics* 30:2114–2120. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>.
- Lampead B, Salzberg SL. 2012. Fase gapped-read alignment with Bote 2. *Net Methods* 9:357–359. <https://doi.org/10.1038/nmeth.1923>.
- Bankevich A, Nurk S, Antipov D, Gurevich AA, Dvorkin M, Kulikov AS, Lesin VM, Nikolenko SI, Pham S, Pribelski AD, Pyshkin AV, Sirotkin AV, Vyahhi N, Tesler G, Alekseyev MA, Pevzner PA. 2012. SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *J Comput Biol* 19:455–477. <https://doi.org/10.1089/cmb.2012.0021>.
- Parks DH, Imelfort M, Skennerton CT, Hugenholtz P, Tyson GW. 2015. CheckM: assessing the quality of microbial genomes recovered from isolates, single cells, and metagenomes. *Genome Res* 25:1043–1055. <https://doi.org/10.1101/gr.186072.114>.
- Bosi E, Donati B, Galardini M, Brunetti S, Sagot MF, Lió P, Crescenzi P, Fani R, Fondi M. 2015. MeDuSa: a multi-draft based scaffold. *Bioinformatics* 31:2443–2451. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv171>.
- Kosugi S, Hirakawa H, Tabata S. 2015. GMcloser: closing gaps in assemblies accurately with a likelihood-based selection of contig or long-read alignments. *Bioinformatics* 31:3733–3741. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv465>.
- Paulino D, Warren RL, Vandervalk BP, Raymond A, Jackman SD, Birol I. 2015. Sealer: a scalable gap-closing application for finishing draft genomes. *BMC Bioinformatics* 16:1–8. <https://doi.org/10.1186/s12859-015-0663-4>.
- Mikheenko A, Pribelski A, Saveliev V, Antipov D, Gurevich A. 2018. Versatile genome assembly evaluation with QUAST-LG. *Bioinformatics* 34:i142–i150. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty266>.
- Tatusova T, DiCuccio M, Badretdin A, Chetverin V, Nawrocki EP, Zaslavsky L, Lomsadze A, Pruitt KD, Borodovsky M, Ostell J. 2016. NCBI prokaryotic genome annotation pipeline. *Nucleic Acids Res* 44:6614–6624. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw569>.
- Mount DW. 2007. Using the Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). *CSH Protoc* 2007:pdb.top17. <https://doi.org/10.1101/pdb.top17>.
- Richter M, Rosselló-Móra R, Glöckner FO, Peplies J. 2016. JSpeciesWS: a web server for prokaryotic species circumscription based on pairwise genome comparison. *Bioinformatics* 32:929–931. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btv681>.
- Meier-Kolthoff JP, Carbasse JS, Peinado-Olarte RL, Göker M. 2022. TYGS and LPSN: a database tandem for fast and reliable genome-based classification and nomenclature of prokaryotes. *Nucleic Acids Res* 50:D801–D807. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab902>.
- Chun J, Oren A, Ventosa A, Christensen H, Arahal DR, da Costa MS, Rooney AP, Yi H, Xu XW, De Meyer S, Trujillo ME. 2018. Proposed minimal standards for the use of genome data for the taxonomy of prokaryotes. *Int J Syst Evol Microbiol* 68:461–466. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002516>.