

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CHIHUAHUA
FACULTAD DE CIENCIAS QUÍMICAS
SECRETARIA DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE
CHIHUAHUA

**MONITOREO MICROBIOLÓGICO Y FÍSICOQUÍMICO DE ECOSISTEMAS
ACUÁTICOS; MANGLARES ÁRIDO TROPICALES DE BAJA CALIFORNIA
SUR, MÉXICO Y RÍO CONCHOS, CHIHUAHUA, MÉXICO**

POR:

QBT. NOÉ FABIÁN CORRAL RODRÍGUEZ

TESIS PRESENTADA COMO REQUISITO PARA OBTENER EL GRADO DE

MAESTRO EN CIENCIAS EN BIOTECNOLOGÍA

CHIHUAHUA. CHIH., MÉXICO

SEPTIEMBRE DEL 2023



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE
CHIHUAHUA

Asunto: **Liberación Tesis**

Chihuahua, Chih., 21 de septiembre del 2023

**M.A.P. TERESA VIRIDIANA ESPINOZA MOLINA
SECRETARIA DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO
FACULTAD DE CIENCIAS QUÍMICAS
PRESENTE. –**

Los que suscriben, informamos a usted que se llevó a cabo la revisión de la tesis titulada: **“Monitoreo microbiológico y fisicoquímico de ecosistemas acuáticos; manglares árido-tropicales de Baja California Sur, México y Río Conchos, Chihuahua, México”** presentada por el estudiante **Noé Fabián Corral Rodríguez** con número de matrícula **363962**, alumno del programa de **Maestría en Ciencias en Biotecnología**.

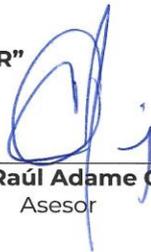
Se le fueron indicadas al estudiante las correcciones que eran necesarias efectuar, y después de realizarse lo anterior y verificar que las mismas fueron atendidas, manifestamos que el documento en cuestión, cumple con los requisitos de calidad y originalidad señalados por el Comité de Tesis y por la Facultad de Ciencias Químicas, por lo que autorizamos que sea impresa para que se proceda con los trámites para la presentación de su Examen de Grado.

ATENTAMENTE

“LUCHAR PARA LOGRAR, LOGRAR PARA DAR”



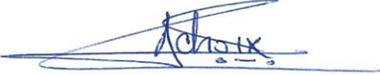
**Dra. Guadalupe Virginia Nevárez
Moorillón**
Directora



Dr. Jaime Raúl Adame Gallegos
Asesor



Dr. Oskar Alejandro Palacios López
Asesor



Dr. Francisco Javier Choix Ley
Asesor

FACULTAD DE CIENCIAS QUÍMICAS
Circuito Universitario,
Campus Universitario 2
Chihuahua, Chih., México C.P 31125
Teléfonos: +52 (614) 236.6000
www.fcq.uach.mx



Secretaría de Investigación y Posgrado
Facultad de Ciencias Químicas
Universidad Autónoma de Chihuahua
PRESENTE,

Estimada Mtra. Espinoza Molina,

Por medio de la presente me permito informarle que he revisado la tesis “Monitoreo microbiológico y fisicoquímico de ecosistemas acuáticos; manglares árido-tropicales de Baja California Sur, México y Río Conchos, Chihuahua, México”, que presenta el Q.B.T. Noé Fabián Corral Rodríguez, pasante del programa de Maestría en Biotecnología.

Me permito solicitar que el documento sea ahora enviado a los miembros del Comité de Tesis, para su evaluación.

Sin más por el momento, agradezco su atención a la presente



Dra. Guadalupe Virginia Nevárez Moorillón
Directora

AGRADECIMIENTOS

Un agradecimiento al grupo de investigación de Microbiología III. Una especial mención al D.C. Oskar Alejandro Palacios López, D.C. Francisco Javier Choix Ley y a la Ph.D Guadalupe Virginia Nevárez Moorillón, por su profesionalismo y siempre estar dispuestos a enseñar, apoyar y a aprender.

A mis compañeros de posgrado y personas ajenas a la investigación, les agradezco enormemente el apoyo que en diversos sentidos me mostraron.

Tanto a la FCQ, UACH y Conahcyt, por los apoyos prestados durante este programa de posgrado.

A mi familia, y mi futura esposa. No hay palabras para describir, no solo el apoyo en esta etapa de mi formación, si no a todos mis planes de vida. GRACIAS.

DEDICATORIAS

A mi familia y a mi futura familia.

ÍNDICE

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE CHIHUAHUA	i
HOJA DE DEDICATORIAS	iv
ÍNDICE	vi
ÍNDICE DE FIGURAS	ix
ÍNDICE DE TABLAS	x
ABREVIATURAS	xi
RESUMEN	xiii
ABSTRACT	xiv
I. INTRODUCCIÓN	1
II. ANTECEDENTES	3
2.1. La vida y los ecosistemas acuáticos	3
2.2. Ecosistemas dulceacuícolas: río Conchos	5
2.2.1. Importancia económica del río Conchos	6
2.2.2. Biodiversidad del río Conchos	7
2.2.3. Programa de Manejo Integral de la cuenca del río Conchos.....	7
2.3. Ecosistemas marinos; Los manglares	8
2.3.1. Importancia de los manglares.....	8
2.3.2. Los manglares en México	10
2.3.3. Manglares del Estado de Baja California Sur	11
2.4. Estrés Antropogénico en ecosistemas acuáticos	12
2.4.1. Bacterias patógenas e indicadores fecales en ecosistemas acuáticos	14
2.4.2. Métodos de análisis microbiológico.....	16
2.4.3. Resistencia a antibióticos	17
2.4.4. Elementos genéticos móviles	18
2.4.5. Plásmidos	18
2.4.6. Integrones	18
2.4.7. Transposones.....	19
2.4.8. Genes de resistencia a antibióticos.....	20
2.4.9. Genes de tolerancia a metales pesados.....	22
2.4.10. Diseminación de MGE en ecosistemas acuáticos	22

2.4.11.	Métodos de análisis moleculares.....	23
III.	JUSTIFICACIÓN.....	25
IV.	HIPÓTESIS.....	26
V.	OBJETIVOS	27
VI.	MATERIALES Y MÉTODOS.....	28
6.1.	Materiales y Equipo	28
6.1.1.	Muestras.....	28
6.1.2.	Materiales.....	28
6.1.3.	Equipos.....	28
6.1.4.	Medios de cultivo.....	29
6.1.5.	Reactivos	30
6.2.	Metodología.....	31
6.2.1.	Recolección de muestras	31
6.2.1.1.	Manglares Árido tropicales	31
6.2.1.2.	Río Conchos.....	34
6.2.2.	Medición de propiedades fisicoquímicas del agua superficial (río Conchos)....	37
6.2.3.	Preparación de diluciones seriadas (río Conchos y manglares arido tropicales)	37
6.2.4.	Determinación de coliformes fecales (río Conchos y manglares arido tropicales)	37
6.2.5.	Determinación de <i>Enterococcus</i> spp. (río Conchos y manglares árido tropicales)	38
6.2.6.	Determinación de perfiles fenotípicos de multirresistencia de indicadores fecales (río Conchos y manglares árido tropicales).....	38
6.2.7.	Determinación de <i>Salmonella</i> spp. en río Conchos y manglares árido tropicales	39
6.2.8.	Aislamiento de <i>Aeromonas</i> spp. y <i>Vibrio</i> spp. en río Conchos y manglares árido tropicales	41
6.2.9.	Aislamiento de bacterias multirresistentes en manglares árido tropicales.....	42
6.2.10.	Determinación de perfil de resistencia a antibióticos en manglares árido tropicales	42
6.2.11.	Extracción de ADN total bacteriano en manglares árido tropicales	43
6.2.12.	Extracción de ADN de sedimentos en manglares árido tropicales	43
6.2.13.	Determinación de metales pesados de sedimento en río Conchos y manglares árido tropicales	43

6.2.14.	Determinación de genes de resistencia a antibióticos y tolerancia a metales pesados por PCR en manglares árido tropicales.....	44
6.2.15.	Identificación molecular de cepas multirresistentes.....	47
VII.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	48
7.1.1.	Propiedades fisicoquímicas del agua.....	48
7.1.2.	Indicadores Fecales, bacterias patógenas y perfil de multirresistencia en el río Conchos	51
7.1.3.	Metales pesados y metaloides en sedimentos del río Conchos.	53
7.2.1.	Indicadores fecales en sedimentos	59
7.2.2.	Bacterias patógenas en sedimentos de manglar	61
7.2.3.	Bacterias multirresistentes en manglares	64
7.2.4.	Elementos genéticos de resistencia y su correlación con los ARGs	73
7.2.5.	Abundancia de elementos genéticos de resistencia en sedimentos de manglar .	78
7.2.6.	Identificación molecular de las cepas multirresistentes	80
7.2.7.	Metales pesados y genes de tolerancia a metales pesados en sedimento de manglar	85
VIII.	CONCLUSIONES	90
IX.	RECOMENDACIONES	91
X.	REFERENCIAS	92
XI.	ANEXOS	121

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Factores de perturbación en sistemas acuáticos.....	4
Figura 2. Cuenca del río Conchos	6
Figura 3. Importancia de los manglares.	10
Figura 4. Los manglares en México.	11
Figura 5. Zonas de manglar del Estado de Baja California Sur	12
Figura 6. Mecanismos de transferencia de material genético en bacterias.....	19
Figura 7. Principales fuentes de contaminación que propician la diseminación de MGE .	23
Figura 8. Manglar Termoeléctrica.....	32
Figura 9. Manglar Banderitas.	32
Figura 10. Manglar Estero Zacatecas	33
Figura 11. Manglar Cola de Ballena.....	33
Figura 12. <i>Muestreo</i>	34
Figura 13. Zona Serrana	35
Figura 14. Zona de Meseta	36
Figura 15. Zona Desértica	36
Figura 16. Proceso de asilamiento y determinación de indicadores fecales.....	39
Figura 17. Metodología para el aislamiento de <i>Salmonella</i> spp.....	41
Figura 18. Metodología general para el aislamiento <i>Vibrio</i> spp. y <i>Aeromonas</i> spp..	¡Error!
Marcador no definido.	
Figura 19. División en cuadrantes de caja Petri	43
Figura 20. Protocolo de determinación de metales pesados de sedimento por medio de espectrofotometría de rayos X.....	44
Figura 21. Numero de abundancia de resistencia a cada grupo de antibiótico por sitio..	68
Figura 22. Abundancia de genes positivos de cepas multirresistentes por sitio.....	74
Figura 23. Amplicon positivo de tetA.	75
Figura 24. Correlograma de variantes fenotípicas y genéticas globales	76
Figura 25. Resultados de bacterias multirresistentes.....	81
Figura 26. Valores de correlograma de resistencia fenotípica y genes de resistencia.....	126

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Contaminantes más comunes en ecosistemas acuáticos y sus características.	13
Tabla 2. Algunos grupos de antibióticos con sus mecanismos de acción, así como sus genes relacionados a resistencia a estos en bacterias.....	21
Tabla 3. Puntos y criterios de selección de puntos de muestreo.....	35
Tabla 4. Zonificación para la elaboración de agrupados de muestras para la determinación de <i>Salmonella</i> spp., <i>Aeromonas</i> spp. y <i>Vibrio</i> spp. en los manglares árido tropicales de Baja California Sur.	40
Tabla 5. Secuencias de Oligonucleótidos y sus condiciones para cada reacción.	45
Tabla 6. Parámetros fisicoquímicos del agua superficial del río Conchos, a través de los muestreos.	49
Tabla 7. Indicadores fecales aislados la cuenca del río Conchos.	51
Tabla 8. Cepa de <i>Aeromonas</i> spp. aislada del río Conchos y sus características correspondientes.	52
Tabla 9. Concentraciones de metales pesados correspondiente a la zona serrana.....	54
Tabla 10. Concentraciones de metales pesados correspondiente a la zona de meseta	55
Tabla 11. Concentraciones de metales pesados correspondiente a la zona desértica	56
Tabla 12. Movilidad general de los metales pesados a través de las zonas geográficas y regímenes pluviales.	57
Tabla 13. Indicadores fecales aislados de los manglares árido tropicales.....	59
Tabla 14. Determinación de <i>Aeromonas</i> spp. positivas por zonificación.....	62
Tabla 15. Numero de asilados multirresistentes por sitio.....	64
Tabla 16. Morfología microscópica de los aislados resistentes por sitio.	65
Tabla 17. Perfiles de multirresistencia más comunes por sitio.....	66
Tabla 18. Abundancia de genes de resistencia en sedimentos de manglar.....	79
Tabla 19. Promedio general de las concentraciones detectadas en sedimentos de manglar por sitio en comparación con estándares internacionales para el tipo de suelo.	86
Tabla 20. Pruebas bioquímicas para identificación de indicadores fecales y bacterias patógenas.	123
Tabla 21. Sitios y coordenadas de los sitios de recolección de sedimento de manglares..	127
Tabla 22. Matriz de concentraciones de metales pesados sitio Termoeléctrica.	128
Tabla 23. Matriz de concentraciones de metales pesados sitio Banderitas	131
Tabla 24. Matriz de concentraciones de metales pesados sitio Estero Zacatecas.	134
Tabla 25. Matriz de concentraciones de metales pesados sitio Cola de Ballena.	136

ABREVIATURAS

ARB	Bacterias resistentes a antibióticos
ARGs	Genes de resistencia a antibióticos
CONABIO	Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad
EDTA	Ácido etilendiaminotetraacético
mg	Miligramos
MGEs	Elementos genéticos móviles
MRGs	Elementos Móviles de Resistencia
PCR	Reacción en cadena de la polimerasa
<i>sul1</i>	Gen de resistencia a la sulfonamida Clase 1
<i>sul2</i>	Gen de resistencia a la sulfonamida Clase 2
<i>sul3</i>	Gen de resistencia a la sulfonamida Clase 3
UACH	Universidad Autónoma de Chihuahua
UABCS	Universidad Autónoma de Baja California Sur
WWF	Fondo Mundial para la Naturaleza
tC/ha	Toneladas de carbón por hectárea
CO ₂	Dióxido de Carbono
ha	Hectárea
ESKAPE	<i>Enterococcus faecium</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Acinetobacter baumannii</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , <i>Enterobacter spp.</i>
OMS	Organización Mundial de la Salud
H ₂ S	Sulfuro de Hidrogeno
Tn	Transposón
Is	Secuencias de Inserción
In	Integrón
Kb	Miles de Bases
RVS	Rappaport-Vassiliadis Soya
MKTTn,	Caldo de tetracionato-novobiocina de Muller Kauffmann
NOM	Norma Oficial Mexicana

pH	Potencial Hidrógeno
TCBS	Agar Tiosulfato Citrato Bilis Sacarosa
mg	Miligramo
mL	Mililitro
CLSI	Instituto de Normas Clínicas y de Laboratorio
mM	Milimolar
TE	Sitio Termoeléctrica
B	Sitio Banderitas
EZ	Sitio Estero Zacatecas
CB	Cola de Ballena

RESUMEN

Los ecosistemas acuáticos se encuentran entre los ambientes naturales que más servicios ofrecen a la humanidad, tales como servicios sociales, culturales, económicos políticos, educacionales, simbólicos, ecológicos y ambientales. En este trabajo se realizaron 2 monitoreos fisicoquímicos y microbiológicos en dos ecosistemas; El río Conchos en Chihuahua, y los manglares árido tropicales del Estado de Baja California Sur. En este trabajo se realizaron de manera global muestreos a lo largo de 7 sitios diferentes, 57 puntos, 4 profundidades y 3 regímenes pluviales. Así mismo se determinaron las características fisicoquímicas tanto de agua y sedimento por medio de medidores multiparámetro y espectrofotometría de fluorescencia de rayos X. Además, se identificaron indicadores fecales y bacterias patógenas en sedimentos por métodos estándares de identificación. Se aislaron cepas con multirresistencia a antibióticos en sedimentos de los manglares, que fueron caracterizadas molecularmente; se evaluó la presencia de genes de resistencia antibióticos y tolerancia a metales pesados tanto en cepas multirresistentes como en sedimentos de manglar. A partir de este trabajo se logró identificar las características fisicoquímicas de agua y sedimentos en ambos sitios, donde la mayoría de los valores se encontraban dentro de los límites establecidos por las normas comparadas para estas determinaciones. Considerando ambos ecosistemas, se identificaron 5 bacterias indicadoras fecales y 6 cepas de *Aeromonas* spp. y en la mayoría de los casos las cepas contaron con un perfil de multirresistencia a antibióticos. Se aislaron 114 cepas multirresistentes en sedimentos de manglares, de las cuales un 93% presentaron resistencia a cefotaxima, mientras que el elemento genético móvil más abundante fue *tetA*. La caracterización molecular de las cepas multirresistentes demostró que la mayoría de los aislados pertenecían al filo de los firmicutes. Por otro lado, la determinación de los elementos genéticos de resistencia en muestras de sedimento mostró a *Sul2* como el elemento genético más abundante (19% de las muestras) Con base a los parámetros establecidos para ambos monitoreos, se logró estimar un impacto antrópico bajo en el río Conchos, mientras que en los manglares del Estado de Baja California Sur, se pudo demostrar un impacto antropogénico en los sitios aparentemente más perturbados a partir de indicadores fisicoquímicos y microbiológicos.

Palabras clave; Ecosistemas acuáticos; Estrés antrópico; Multirresistencia; *tetA*; Evolución adaptativa

ABSTRACT

Aquatic ecosystems are among the natural environments that offer the most services to humanity, from social, cultural, economic, political, educational, symbolic, ecological and environmental services, among others. In this research work, the physicochemical and microbiological monitoring were carried out in two ecosystems; The Conchos river in Chihuahua, and the arid tropical mangroves of the State of Baja California Sur. In this work, it was carried out in a global way, demonstrated throughout 7 different sites, 57 points, 4 depths and 3 pluvial systems. Likewise, the physicochemical characteristics of both water and sediment were determined by means of multiparameter meters and X-ray spectrophotometry, in addition, fecal indicators and pathogenic bacteria in sediments were identified by various identification methods. Likewise, strains with multi-resistance to antibiotics were isolated in mangrove sediments, by means of dilution in agar, which were characterized molecularly. In addition, the presence of antibiotic resistance genes and tolerance to heavy metals in both multi-resistant strains and in mangrove sediments. Based on this work, the physicochemical characteristics of water and sediments in sites will be identified, where most of the values will enter the values allowed by the relevant standards with some exceptions, on the other hand, globally, 5 indicator bacteria were identified. feces and 6 strains of *Aeromonas* spp. and in most cases the strains had a profile of multiresistance to antibiotics, in addition, 114 multiresistant strains were isolated in mangrove sediments, most of which presented resistance to cefotaxime while the most abundant mobile genetic element was *tetA*. Taking into account the molecular characterization of the multiresistant strains, most of the isolates belonged to the Firmicutes phylum. On the other hand, the determination of resistance genetic elements in sediment samples showed Sul2 as the most abundant genetic element. Based on the parameters established for both monitoring, it will be respected to estimate a low anthropogenic impact in the Conchos river, while in the mangroves of the State of Baja California Sur, an anthropogenic impact could be demonstrated in the apparently most disturbed sites based on indicators physicochemical and microbiological

Keywords; Aquatic ecosystems; Anthropic stress; multiresistance; *tetA*; Adaptative evolution

I. INTRODUCCIÓN

Los ecosistemas acuáticos representan un símbolo de evolución humana, no existe ningún rincón del planeta donde los seres humanos no se vean beneficiados por estos ambientes naturales. Existen dos tipos de ecosistemas acuáticos: los marinos compuestos por agua salada, y los dulceacuícolas compuestos por agua dulce. Además, a partir de estas categorías, se pueden agrupar con base a sus características bióticas y abióticas (World Wide Fund for Nature, 2018). Los ecosistemas acuáticos representan un símbolo de desarrollo de muchas culturas a lo largo de la historia, por la cantidad de servicios que ofrecen: desde el suministro de agua, la industria, sostenimiento de la biodiversidad, control climático, actividades de recreación y turismo además de una importancia cultural e histórica (Wohl y Merritts, 2007). En el contexto mundial actual, los ecosistemas acuáticos se ven afectados en gran parte por estrés antropogénico, que perjudica sus características bióticas y abióticas. Uno de los principales componentes de estrés antrópico son los residuos urbanos e industriales, siendo desechos domésticos, mineros, farmacéuticos, agrícolas y hospitalarios -entre otros-, los que comprometen la integridad de los ecosistemas acuáticos, y por ende los procesos biológicos relacionados a éstos (Anderson et al., 2019; Dahdouh-Guebas, 2013; Macklin y Lewin, 2015; Water Science School, 2018; Wohl y Merritts, 2007)

En este sentido, cada vez se implementan nuevas y más detalladas investigaciones a partir de la generación del estado de los ecosistemas naturales, haciendo uso de aproximaciones fisicoquímicas y microbiológicas, por ejemplo. En el caso de indicadores microbiológicos, se pueden hacer aproximaciones del estado de un ecosistema a partir de la presencia o ausencia tanto de especies, componentes celulares o procesos biológicos (Borrego et al., 1987; Tallon et al., 2005; Zaghoul et al., 2020).

Bajo esta perspectiva de la determinación tanto de parámetros fisicoquímicos como microbiológicos, se realizó un monitoreo en dos ecosistemas acuáticos; Por un lado, el río Conchos, principal fuente de agua superficial del estado de Chihuahua, y por el otro lado los manglares árido tropicales del estado de Baja California del Sur. Este estudio se enfoca en la determinación de contaminantes que, por años, han afectado ambos ecosistemas al

estar expuestos de manera constante y poco controlada a las actividades humanas. En el ámbito fisicoquímico se realizó la determinación de las propiedades fisicoquímicas de agua en el río Conchos, y concentración de metales pesados en sedimento de ambos ecosistemas. Con respecto a los indicadores microbiológicos, se buscó la presencia de bacterias patógenas en ambos ecosistemas (*Vibrio* spp. y *Aeromonas* spp. y *Salmonella* spp.), además de bacterias indicadoras fecales (*Escherichia coli* y *Enterococcus* spp.) a las que se les determinó su perfil de resistencia a antibióticos. Por otra parte, se aislaron cepas con perfil de multiresistencia fenotípica a antibióticos en sedimentos de los manglares. Para ello, por medio del análisis de la secuencia del gen 16S rRNA se determinó el género bacteriano al que pertenecen. Aunado a esto se determinó la presencia de genes de resistencia a antibióticos y tolerancia a metales, tanto en sedimentos como aislados multiresistentes de manglares.

II. ANTECEDENTES

2.1. La vida y los ecosistemas acuáticos.

En la tierra existen innumerables ecosistemas, cada uno con características particulares. Todos los ecosistemas resultan de gran importancia para el equilibrio ecológico. No obstante, algunos ofrecen mayor impacto en términos de servicios para la humanidad. Tal es el caso de los ecosistemas marinos, que ofrecen un alto rendimiento de recursos aprovechados por el hombre provenientes tanto de sus componentes bióticos como abióticos (Buonocore et al., 2020). Según la definición del programa de Evolución de Ecosistemas del Milenio de la ONU, los servicios proporcionados por un ecosistema marino se definen como “Beneficios que la gente obtiene de ecosistemas costeros y marinos” (Millennium Ecosystem Assessment (Program), 2005). Tiene una visión multidisciplinaria, que según su impacto sectorial se clasifican de la siguiente forma: para el sector primario, se basa en gran parte en la obtención de recursos alimentarios través de actividades como la pesca o la práctica de acuicultura, o el mismo uso del recurso hídrico para alimentar fuentes de riego en los campos de agricultura. En el sector secundario, aquellos recursos obtenidos a partir de actividades del sector primario pueden ser aprovechados para la elaboración y comercialización de productos con mayor valor agregado y por ende mayor valor económico, o bien, también el empleo directo del agua *per se*, para generación de energía eléctrica. En el sector terciario, los recursos ofrecidos por ecosistemas son aprovechados en actividades como comercio, transporte, sanidad, educación, actividades recreacionales y turismo (Fisher et al., 2008; Haines y Potschin, 2018). Además, los ecosistemas marinos cuentan con una importancia cultural para cientos de civilizaciones a través de la historia de la humanidad, así como también su gran importancia económica y ecológica, pues es en ambientes marinos donde subsiste la mayor parte de las especies biológicas del planeta, que su vez representan un activo importante de estabilización del ambiente a nivel global (Maes et al., 2016).

A nivel mundial es necesario un buen funcionamiento y aprovechamiento de los ecosistemas acuáticos para lograr equilibrio entre los factores que lo componen, respetando la estructura optima del ecosistema. Este equilibrio permitirá obtener el rendimiento que se espera del ecosistema, para que sus beneficios sean suficientes, de buena calidad, y que el ecosistema tenga una retribución digna para la conservación de sus características de una manera

sustentable (Galparsoro et al., 2014). Sin embargo, esto no ocurre de la mejor manera, ya que en ocasiones el aprovechamiento de los recursos ofrecidos por estos ecosistemas refleja un desequilibrio provocado por las actividades antropogénicas poco controladas (Dahdouh-Guebas, 2013). Algunos ejemplos son; la extracción de recursos de manera desmedida como sobrepesca; eutrofización e hipertrofización del ecosistema; introducción de especies invasivas; contaminación por residuos urbanos como basura; aguas residuales o defecación pública y destrucción de habitat entre otros (**Figura 1**) (Ani y Robson, 2021; Worm et al., 2006).

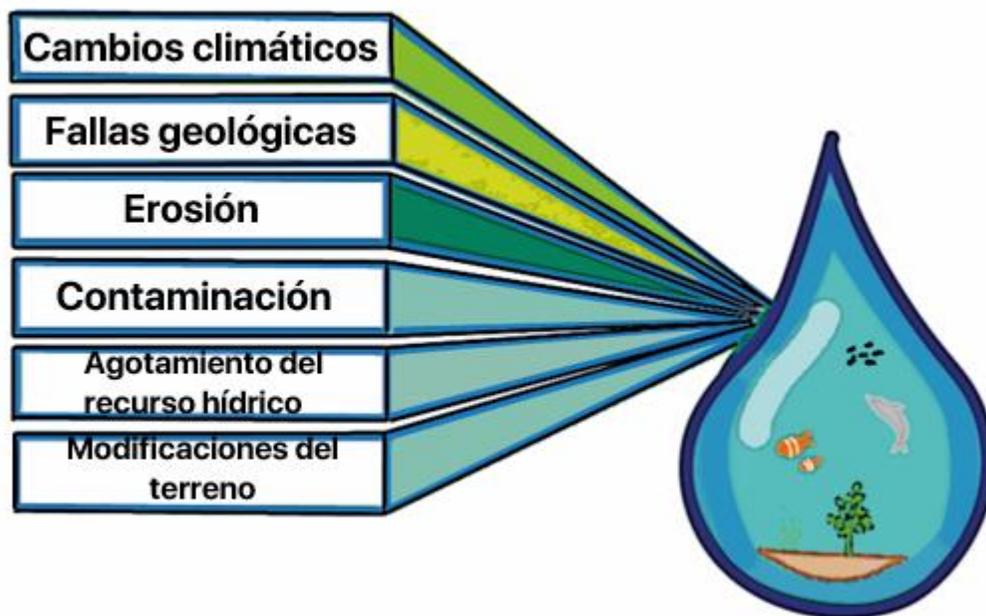


Figura 1. Factores de perturbación en sistemas acuáticos; Naturales: Cambios climáticos y fallas geológicas. Antropogénicos: Contaminación, agotamiento del recurso hídrico, modificaciones del terreno.

2.2. Ecosistemas dulceacuícolas: río Conchos

Un río es un ecosistema acuático natural de agua dulce, que toma forma a partir de una zona elevada hacia una zona de menor altitud hasta su desembocadura (Macklin y Lewin, 2015; Wohl y Merritts, 2007). El agua de un río proviene principalmente de precipitaciones en las zonas altas que generan pequeñas escurrideras. Estas a su vez confluyen con otras, hasta que obtienen un volumen significativo donde se acuña el término de río, el cual puede obtener más confluencias o ser parte de un confluente mayor, para finalmente desembocar tanto en el mar, en lagunas o represas (Water Science School, 2018). A lo largo de la historia, los ríos han resultado ser excelentes nichos para la actividad antropogénica, dado los recursos que ofrece para la generación de bienes y servicios. Por ejemplo, en aquellos lugares con climas cálidos y secos, donde la generación o establecimiento de la vida sería un destino poco apto para el establecimiento humano. Es de ahí donde pueden verse beneficiados en gran magnitud por la presencia de una fuente de agua dulce superficial como un río (Macklin y Lewin, 2015).

Con un área de aproximadamente 74,371.79 km², el río Conchos representa la mayor fuente de agua superficial del estado de Chihuahua. Su curso alto se da en los pies de Sierra Madre Occidental donde las precipitaciones provenientes del Pacífico y la afluencia de los ríos Chuvíscar, San Pedro y Florido, abastecen al río más importante de la entidad chihuahuense (Montero-Martinez et al., 2017) (**Figura 2**). Adicionalmente, la desembocadura de este río representa aproximadamente un 40% de volumen al Río Bravo a partir de su confluencia en el municipio de Ojinaga (Sayto-Corona, et al 2017).

Actualmente, el río Conchos beneficia a más de 1.2 millones de personas a lo largo del estado de Chihuahua y cuenta con importancia histórica, geopolítica, social, cultural, económica y ambiental, entre otras (Rocha, 2005).

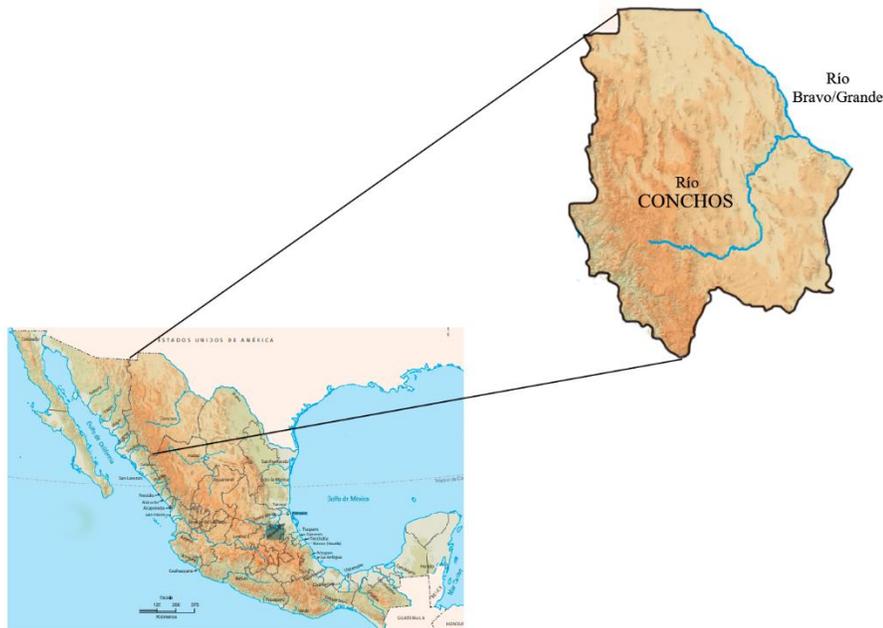


Figura 2. Cuenca del río Conchos. (Fuente: INEGI 2018)

2.2.1. Importancia económica del río Conchos

El río Conchos cuenta con 4 distritos de riego, que representan la mayor captación de agua para su uso, siendo la principal aplicación en el sector agrícola con 60% del volumen captado, seguido del empleo para uso doméstico y saneamiento (WWF-Fundacion Salinas, 2018). Por ello, el aporte económico derivado de estas aportaciones y sus beneficios secundarios se aproxima a los 7 billones de pesos mexicanos anuales, producidos principalmente en la región sur-central del estado lo cual se puede ver representado en un porcentaje significativo del PIB estatal (González-Velázquez., 2020). Bajo el contexto agrícola, Chihuahua cuenta con una relevancia importante a nivel nacional. Entre sus principales aportes están la producción de alfalfa verde con 7,653,744 toneladas (70.2% de la producción nacional); la producción de nuez en el estado se estima en 92,939 toneladas anuales con impacto nacional e internacional (GECH., 2019; De la Maza Benignos, 2009).

Finalmente otras de las áreas económicas generadas a partir del río Conchos es el turismo y actividades recreativas, tanto en la cuenca del río como las represas que alimenta. Se pueden mencionar entre estos sitios, la represa Pico del Águila, Luis L. León, Chihuahua, La Boquilla

y Francisco I. Madero. Asimismo, en la cuenca baja y media del Conchos, se destacan atracciones turísticas como las aguas termales de San Diego Alcalá, el Ojo de Dolores, el Ojo Caliente o el Cañon del Pegüis, entre otros (De la Maza Benignos, 2009).

2.2.2. Biodiversidad del río Conchos

La cuenca del río Conchos representa un símbolo ecológico, desde su cuenca alta donde abundan diferentes tipos de vegetación como el pastizal natural huzachal, matorral desértico micrófilo, además de bosques de encino y pino. Adicionalmente, se asocia fauna característica con algunos ejemplares de crustáceos como el Cangrejo del Norte (*Orconectes (Gremicambarus) virilis*) y el Langostino Americano (*Procambarus clarkii (Scapulicambarus)*); y especies de peces como Pez Gato (*Ameiurus melas*) y Truchita Mexicana (*Astyanax mexicanus*), entre otros (CONABIO, 2022). Añadido a esto, la cuenca baja del Conchos también se caracteriza por la presencia de pastizales y matorrales como el rosetófilo y desértico. En cuanto a fauna se han registrado especies de peces como *Campostoma ornatum*, *Lepisosteus osseus*, *Pylodictis olivaris*, *Pantosteus plebeius*, *Pimephales promelas* por ejemplo (CONABIO, 2022). En los últimos años se han podido redescubrir algunas especies como el "Cachorrito de Julimes" (*Cyprinodon julimes*) o la "trucha del Conchos" (*Onchorhynchus* sp.), por lo que el Río Conchos alberga 48 especies de peces en total, 10 de ellas endémicas, y algunas en peligro de extinción (WWF-Fundación Salinas, 2018).

2.2.3. Programa de Manejo Integral de la cuenca del río Conchos

El 11 de julio del año 2005, el Gobierno del Estado de Chihuahua y el Fondo Mundial para la Naturaleza (WWF, en inglés), firmaron un acuerdo hacia el año 2050 para instrumentar el Programa de Manejo Integral de la Cuenca del río Conchos. El objetivo del acuerdo es la estabilización y/o revisión de las tendencias de deterioro de los ecosistemas dulceacuícolas de la cuenca del río, para mejorar la calidad de vida de los pobladores beneficiados del río, con una aproximación multidisciplinaria y multisectorial (Rocha, 2005).

2.3. Ecosistemas marinos; Los manglares

El origen de la palabra manglar encuentra sus orígenes en la expresión malaya “*mangie-mangie*” la cual significa “arriba del suelo” (Southward, 2001). Se denomina manglar tanto al sitio *per se*, así como a la vegetación característica de estos (en español “mangle”) los cuales cuentan con diversas características (Kathiresan, 2001). Una de estas, es la altura de la vegetación, ya que los manglares pueden alcanzar alturas desde los 2 hasta los 30 metros de altura dependiendo de la región donde estos se encuentren (Dahdouh-Guebas, 2013). Por otro lado, estos ecosistemas se consideran anfibios por su capacidad de crecimiento en el ecotono ambiental, además que pueden subsistir en climas tropicales y subtropicales, en sitios húmedos o incluso áridos (Kathiresan, 2001). Al mismo tiempo y según estimaciones, la extensión territorial de los manglares a nivel mundial ronda los 152,000 km² distribuidos en una gran variedad de países de América, Oceanía y Asia del sur, donde países como Indonesia, Brasil, Australia y México ostentan las primeras cuatro posiciones en extensión territorial de manglares a nivel mundial (Friess et al., 2019).

2.3.1. Importancia de los manglares

Los manglares son ecosistemas con gran importancia alrededor del mundo. Hoy en día se les relaciona con una amplia variedad de beneficios hacia el medio ambiente, así como al humano (**Figura 3**) (Seong et al., 2021; Webb et al., 2014). Por el lado de la biodiversidad, los manglares alrededor del mundo ostentan una gran variedad de fauna, entre las que se encuentran algunas especies de mamíferos como, *Alouatta* spp., *Dugong dugon*, *Trichechus* spp., *Procyon* spp., *Panthera tigris*, e incluso algunos ejemplares de las familias Mustelidae y Chiroptera, por mencionar algunos; además de reptiles como cocodrilos, caimanes, serpientes, tortugas e iguanas (Duke y Schmitt., 2016). De la misma manera, existe una amplia variedad de aves como flamencos (*Phoenicopterus* spp.), garzas (*Ardea* spp.), pelicanos (*Pelecanus linnaeus*), águilas pescadoras (*Pandion haliaetus*), cigüeñas (*Mycteria americana*), garcetas (*Egretta garzetta*), gaviotas (Familia Laridae), y colibríes (Familia Trochilidae) (Blaber, 2000). Dentro de los servicios ambientales que ofrecen estos ecosistemas, resultan relevantes los procesos de descontaminación, los cuales resaltan por su capacidad de secuestro de carbono de gases de efecto invernadero como CO₂, así como su fijación en sedimentos marinos. Considerando las condiciones similares a humedales de los

manglares, el ecosistema facilita y prolonga el almacenamiento de CO₂ por largos periodos de tiempo, tal es el impacto que su eficacia es mayor que la de los bosques templados y boreales, con rendimiento de 280 tC/ha en promedio (McLeod, 2011; Nellemann et al., 2009; Pendleton et al., 2012).

Otro de los roles importantes de los manglares radica en la protección de las costas y asentamientos humanos aledaños contra impactos climáticos como tormentas, huracanes y tsunamis, reduciendo el riesgo asociado a estos como las altas marejadas y vientos fuertes (Duke y Smith, 2016). De igual manera resulta importante señalar el impacto económico para las comunidades aledañas a estos ecosistemas, ya que la derrama económica se refleja a partir de actividades como el turismo y recreación, así como la obtención de productos primarios para la elaboración de alimentos como jugos de fruta, té, alcohol, ensaladas, pasteles, postres, papel y fibras (Dahdouh-Guebas 2013). Asimismo, material vegetal como remedios tradicionales de medicina, y la obtención de fertilizantes entre otros muchos otros productos (Dahdouh-Guebas, 2011; Rönnbäck, 1999). Sumado a lo anterior a partir de iniciativas públicas e intergubernamentales, se han desarrollado proyectos como el “Blue Carbon Initiative (<https://thebluecarboninitiative.org>)”, para la protección de ecosistemas marinos con gran impacto ambiental como es el caso de los manglares. Este proyecto se centra en la protección de los ecosistemas marinos seleccionados, basados en una estrategia ecológica y de bajo costo, por lo que se financia tanto por la iniciativa pública como privada (Otero, 2021).

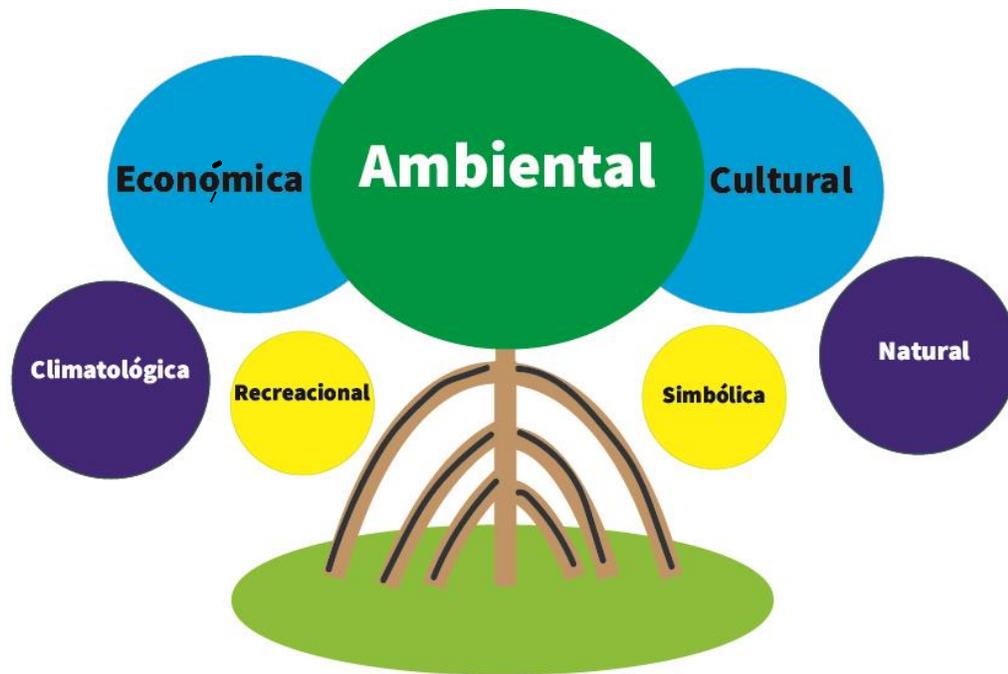


Figura 3. Importancia de los manglares; Dada su gran versatilidad e importancia, los manglares son capaces de ofrecer un gran número de servicios.

2.3.2. Los manglares en México

México es un país diverso, y al hablar de manglares no es la excepción. México es el cuarto país con mayor área manglar a nivel mundial, con una aportación cercana al 6% total (Dahdouh-Guebas, 2011). De acuerdo con la evaluación más reciente de la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad se estima que el área total de manglares a nivel nacional es de 905, 086 ha, distribuidas a lo largo de los 17 estados litorales de la nación (CONABIO, 2020). Según datos de CONABIO, el área ocupada por manglares en México ha tenido un aumento significativo en los últimos años, cercano a 125,000 ha de manglar en la última década, gracias a inversiones gubernamentales en diversos estados de la República Mexicana para la protección y restauración de estos ecosistemas (SEMARNAT, 2016) (**Figura 4**).

Asimismo, en la República Mexicana la flora de mangle es considerablemente rica ya que cuenta con una variedad de mangles como; Manglar Rojo (*Rhizophora mangle*), Mangle Blanco (*Laguncularia racemosa*), Mangle Prieto (*Avicennia germinans*), Mangle Botoncillo (*Conocarpus erectus*), Mangle Bicolor (*Avicennia bicolor*), Mangle Caballero (*Rhizophora harrisonii*) y Mangle Botoncillo Penisular (*Conocarpus erectus* var. *Sericeus*) (CONABIO,

2021). En cuanto a estados con mayor extensión territorial de manglar a nivel nacional podemos resaltar a estados del centro-sur del país como Quintana Roo, Yucatán, Veracruz, Tabasco, Oaxaca y Campeche con una extensión de miles e incluso cientos de miles de hectáreas (INEGI, 2020). Esto contrasta con estados como Baja California, que solo presentan apenas algunas hectáreas (42 ha) de manglar, aunque polarizado por el clima semiárido tan semejante que se presenta en la Península de Baja California, también se encuentra el estado de Baja California Sur, pero este caso con un área manglar de aproximadamente 25,511 ha, encontrándose en la novena posición a nivel nacional (CONABIO, 2022).

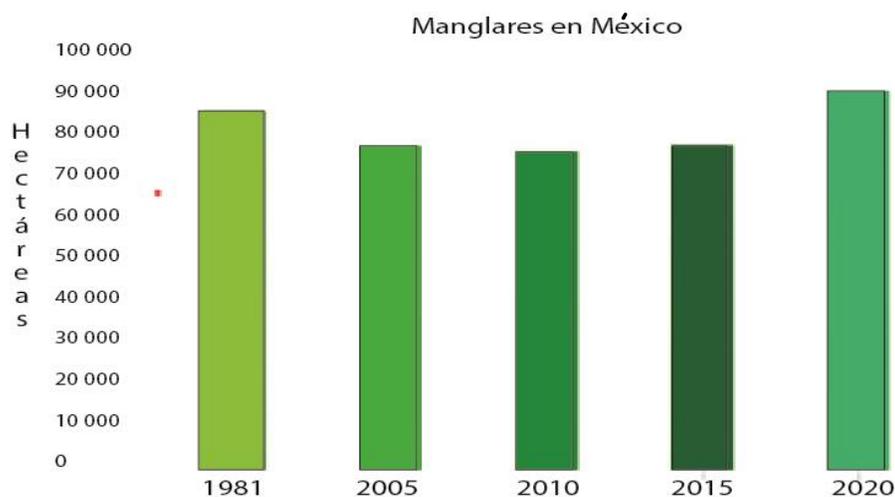


Figura 4. Los manglares en México: a) Se muestran las evaluaciones de superficie de manglar en los últimos años. a) 1981 (85,405 ha), 2005 (77,134 ha), 2010 (76,774 ha), 2015 (77,555 ha) y 2020 (90,086). (CONABIO, 2022).

2.3.3. Manglares del Estado de Baja California Sur

Los manglares del estado de Baja California Sur se caracterizan por crecer bajo condiciones semiáridas. Se componen de una vegetación de tres especies de manglar *Rhizophora mangle*, *Laguncularia racemosa* y *Avicennia germinans*; que son manglares de una altura corta en comparación con otras vegetaciones del centro-sur del país (CONABIO, 2022). En relación con la extensión manglar en las costas del estado, abarcan 100 km de longitud distribuidos

entre los municipios de Comondú y La Paz, donde resaltan zonas como Llanos de Magdalena y el complejo lagunar Bahía Magdalena- Almejas. Asimismo, en el municipio de La Paz resalta el manglar Zacatecas, actualmente reconocido como zona natural protegida (Félix Pico, et al 2011).

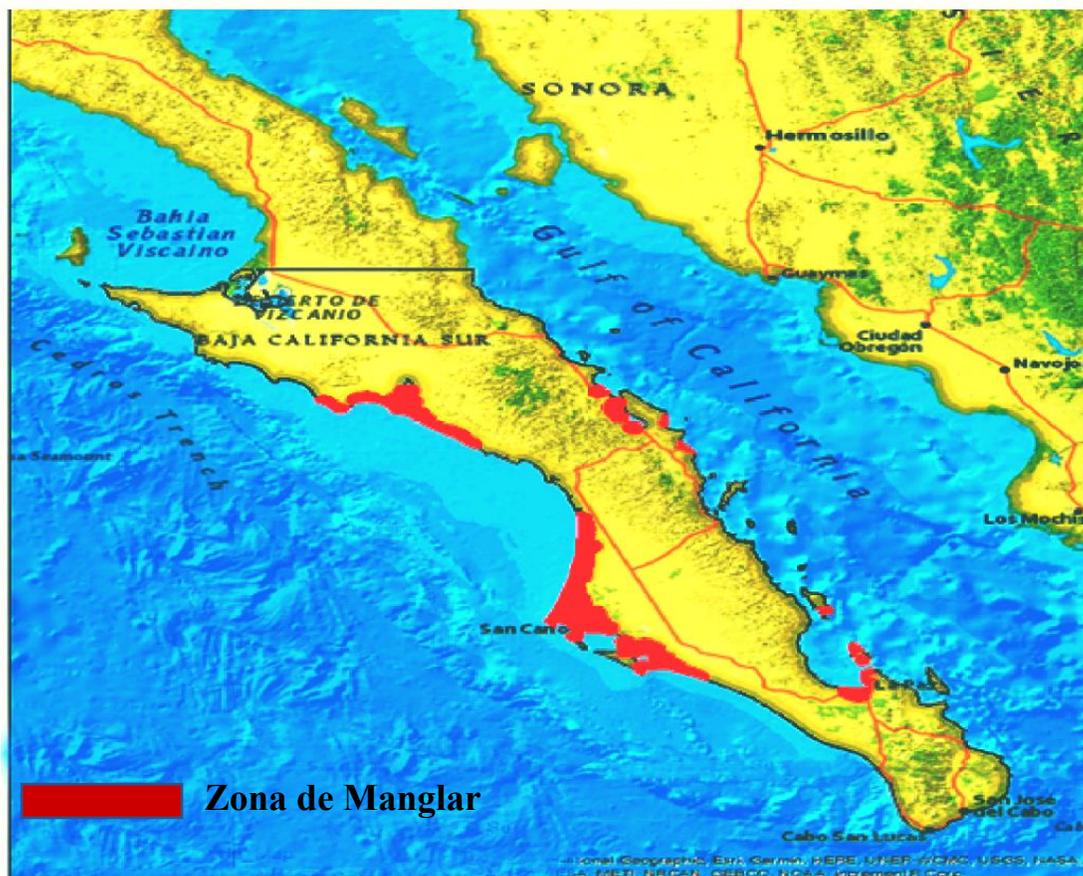


Figura 5. Zonas de manglar del Estado de Baja California Sur (CONABIO, 2022).

2.4. Estrés Antropogénico en ecosistemas acuáticos

Los ecosistemas acuáticos son imprescindibles para la humanidad. Sin embargo, su amplio rango de utilidad para generación de bienes y servicios, los han posicionado en una situación poco favorecida. Estos ecosistemas presentan una sobreexplotación y perturbación por diversas actividades antropogénicas (Häder et al., 2020) (Tabla 1).

Tabla 1. Contaminantes más comunes en ecosistemas acuáticos y sus características, modificado de Häder et al., 2020.

Contaminantes	Fuente de contaminación	Ecosistema propenso	Periodicidad	Persistencia	Problemas ambientales	Problemas para la salud
Aguas residuales	Industria, hospitales, hoteles, centros comerciales, plantas tratadoras, viviendas entre otros	Ecosistemas marinos y de agua dulce	Diario y estacional	Días o meses	Contaminación fecal de agua para beber y eutrofización de los ecosistemas	Presencia de agentes fecales patógenos con genomas modificados
Químicos, fertilizantes, medicamentos veterinarios	Industria, agricultura y procesos naturales	Ecosistemas marinos y de agua dulce	Diario y estacional	Días o meses	Eutrofización, y pérdida de especies	Intoxicación por consumo, peligro de padecer cáncer
Metales Pesados	Industria, aguas residuales y procesos naturales	Ecosistemas marinos y de agua dulce	Diario, estacional y ocasional	Años	Pérdida de especies por intoxicación	Intoxicación por consumo, daños en ADN y enzimas, peligro de padecer cáncer
Plástico	Desechos personales, domésticos e industria	Ecosistemas marinos y de agua dulce	Diario, estacional y ocasional	Semanas y meses	Daño físico para especies acuáticas	Probabilidad de intoxicación por micro plásticos, daños celulares, daños en el ADN y enzimas
Hidrocarburos	Industria	Ecosistemas marinos	Ocasional	Años	Intoxicación de especies marinas y relacionadas	Peligro de Intoxicación por consumo directo e indirecto

Actualmente, una de las líneas de investigación es la identificación de indicadores de estrés antropogénico a nivel químico y microbiológico (Asif y Chaudhry, 2018; Holt y Miller, 2010). La evaluación de presencia de los contaminantes tanto fisicoquímicos como

microbiológicos resulta esencial, ya que muchos de ellos no son apreciables ni detectables por protocolos cotidianos. Sin embargo, en muchas ocasiones se encuentran presentes en abundancia en ecosistemas acuáticos, provocando una dispersión de los mismos a lo largo del ecosistema, en donde pueden verse involucrados mecanismos de contaminación cruzada (Chung et al., 2016).

En relación con los indicadores microbiológicos, que se consideran como bioindicadores, pueden ser utilizados como un indicador de un cambio a lo largo del tiempo, por algún impacto ambiental. Por lo tanto, la finalidad principal del uso de bioindicadores es poder hacer una medición de las perturbaciones en el ambiente a través de la presencia o ausencia de algunas especies o procesos biológicos (Holt y Miller, 2010). Bajo la categoría de los bioindicadores microbiológicos, se incluyen los indicadores fecales, específicamente del grupo de coliformes y especies bacterianas como *Escherichia coli* o *Enterococcus* spp. (Tallon et al., 2005). Otros de los bioindicadores microbiológicos que están relacionados con la presencia de un impacto ambiental, son los componentes celulares provenientes de procesos biológicos, como la actividad enzimática, o la presencia de ácidos nucleicos (Asif y Chaudhry, 2018; Holt y Miller, 2010). En el caso de algunos de los ácidos nucleicos se pueden encontrar genes relacionados a resistencia a fármacos o tolerancia a elementos traza como metales pesados, sobre todo aquellos genes relacionados con la presión selectiva. De igual forma, se puede encontrar material que por algún mecanismo están presentes en el ecosistema por algún tipo de contaminación (Bohmann et al., 2014; Squadrone, 2020; Taberlet et al., 2018).

2.4.1. Bacterias patógenas e indicadores fecales en ecosistemas acuáticos

Dentro del contexto de contaminación de ecosistemas acuáticos, las aguas residuales que se vierten en ríos, lagos y litorales pueden afectarlos, cuando el volumen de descarga es significativo (World Wide Fund for Nature, 2018). Bajo esta situación, miles de ecosistemas alrededor del mundo se ven afectados por la presencia de agentes exógenos, entre los cuales se encuentran agentes microbiológicos con un potencial patogénico (Holt y Miller, 2010). Asimismo, han sido descritos algunos grupos de bacterias con una alta incidencia en el ámbito clínico, como causantes de infecciones y defunciones alrededor del mundo. Uno ellos

es el grupo ESKAPE (*Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Enterobacter* spp.) (Pendleton et al., 2013); aunque no solo se limita a estas especies, si no que algunas otras como *Escherichia coli* y *Enterococcus* spp. (destacando si es especie *E. faecium*), pueden presentarse como agente patógeno (Borrego et al., 1987). Por otro lado, si estas especies se relacionan estrechamente con una fuente clínica el riesgo de presentar factores de virulencia aumenta (Bailey et al., 2010).

En el caso de *E. coli*, existen factores de virulencia que se pueden clasificar en grupo y subgrupo de acuerdo a su mecanismo de infección y cuadro clínico presentado, como el grupo de *E. coli* (DEC) que tiene la capacidad de generar diarrea infecciosa (Farthing, 2013). A partir de aquí, se genera una subdivisión que clasifica a las cepas como; *E. coli* entero tóxica (ETEC), *E. coli* productora de la toxina Shiga (STEC), *E. coli* entero patogénica (EPEC), *E. coli* entero agregativa (EAEC) y *E. coli* entero invasiva. Esta clasificación resume básicamente al mecanismo de invasión y generación de toxinas de la bacteria, que pueden generar diarreas, vómitos y fiebre extremas (Jensen et al., 2014).

Por el lado de las bacterias del género *Enterococcus* spp., especies como *E. faecalis* y *E. faecium*, presentan mayor tasa de infección, caracterizándose por ser agentes oportunistas, provocando infecciones en vías urinarias y heridas post operatorias; además de provocar casos de sepsis, bacteriemia y endocarditis (Poh et al., 2006). Asimismo, existen otras bacterias patógenas que se relacionan estrechamente con *E. coli* y *Enterococcus* spp., como es el caso de las bacterias del género *Salmonella* spp. que se pueden encontrar en la microbiota intestinal de distintos animales, donde puede habitar de manera asintomática (Espigares et al., 2006). Los métodos de cultivo para el aislamiento o cuantificación de *Salmonella* spp son poco eficientes, por lo que se opta por la identificación de indicadores fecales aprovechando las características similares del nicho para poder asociarlas (Van Asten y Van Dijk, 2005). Asimismo, *Salmonella* spp. está catalogada por la Organización Mundial de la Salud como un agente patógeno capaz de generar diarreas mortales y cuadros de fiebre tifoidea (WHO, 2018).

En referencia a los ambientes acuáticos, también resulta común en ocasiones la presencia de bacterias patógenas de los géneros *Aeromonas* spp. y *Vibrio* spp., que se caracterizan por

ocasionar infecciones por la ingesta de alimentos provenientes de mar, así como consumo de agua contaminada (Daniels y Shafaie, 2000; Hlady y Klontz, 1996; Janda y Abbott, 2010). Por un lado, las bacterias del género *Aeromonas* spp. pueden ocasionar infecciones en tejidos blandos, piel y tracto gastrointestinal (Fernández-Bravo y Figueras, 2020; King et al., 1992), mientras que las bacterias del género *Vibrio* spp., pueden presentar infecciones intestinales agudas, las cuales se caracterizan por vómitos ocasionales, diarrea profusa, deshidratación y colapso circulatorio (Hlady y Klontz, 1996; Jeamsripong et al., 2022).

A pesar de todas las características epidemiológicas que pueden llegar a presentar microorganismos mencionados con anterioridad, en ocasiones basta con un tratamiento adecuado de antibióticos para mitigar las infecciones. Sin embargo, algunas cepas podrían presentar un perfil de multiresistencia a diversos fármacos, lo que podría complicar el cuadro clínico (Pendleton et al., 2013).

2.4.2. Métodos de análisis microbiológico

La caracterización del microbioma de ecosistemas acuáticos puede ayudar a visualizar posibles impactos ambientales provenientes de diferentes fuentes entre ellos las actividades humanas. Debido a esto los métodos de análisis de algunos bioindicadores, pretende ser lo más específico posible para obtener los resultados objetivos (Astudillo-García et al., 2019).

En el caso de la determinación de la presencia de bacterias como *E. coli* y *Enterococcus* spp. como indicadores fecales, se pueden aprovechar sus características como microorganismos aerobios y anaerobios facultativos con la capacidad de crecer en temperaturas de 37°C y que cuentan con la característica de fermentar la lactosa (dependiente de la especie, en el caso de *Enterococcus*,) en periodos de tiempo relativamente cortos de entre 24 y 48 h (Astudillo-García et al., 2019). La determinación de bacterias como *E. coli* puede llevarse a cabo en medios selectivos como Agar MacConkey, mientras que bacterias del género *Enterococcus* spp., tienen una diferenciación distinta debido a su carencia de producción de gas en algunas especies. Por lo cual, su aislamiento se puede llevar cabo en condiciones distintas mediante el aprovechamiento de su halo tolerancia en medios con una alta concentración de sal cercana del 6.5 % o bien por su capacidad de hidrolizar bilis esculina (Brodsky y Schiemann, 1976; Messer y Dufour, 1998; Dionísio y Borrego, 1995). En relación con la presencia de bacterias patógenas relacionadas con el tracto digestivo, las bacterias del género *Salmonella* spp.

pueden aislarse en medios de enriquecimiento y selectivos para la diferenciación colonial de otras especies con características similares mediante la producción de H₂S o la incapacidad de este género de fermentar la lactosa (Jeamsripong et al., 2022; WHO, 2018). En un sentido similar, la determinación de bacterias de naturaleza acuática como *Vibrio* spp. y *Aeromonas* spp., puede llevarse a cabo partir de un medio selectivo, que cuentan con la presencia de altas concentraciones de sal, pH alcalino y concentraciones de bilis esculina (Palumbo et al., 1985). Para el caso de *Vibrio* spp., se aprovecha su capacidad de fermentar sacarosa, y crecer en concentraciones considerables de sales biliares y citrato. Además, estos medios presentan la ventaja de la determinación de coleteros lo cual proporciona una herramienta adicional para la determinación de estas bacterias en medios selectivos (Daniels y Shafaie, 2000).

2.4.3. Resistencia a antibióticos

Los antibióticos son definidos como aquellos fármacos utilizados para prevenir y tratar infecciones bacterianas. Desde su descubrimiento hasta su producción a gran escala, la variedad de los antibióticos ha aumentado a lo largo de los años. Sin embargo, también la resistencia bacteriana a los mismos ha ido en aumento (Nikaido, 2009). La resistencia a antibióticos se produce cuando las bacterias generan mecanismos para evadir o resistir su efecto. Esta se genera principalmente debido a la presión selectiva en la cual, las bacterias tienden a desarrollar, expresar y mejorar aspectos fenotípicos para afrontar el efecto de los antibióticos, lo que se traduce en un problema sanitario, ya que su efectividad comienza a decaer (Dennesen et al., 1998; Nikaido, 2009). Desde el inicio de este problema sanitario, se han tratado de generar consensos para clasificar la resistencia a los antibióticos de acuerdo con el número de grupos a los que las bacterias presentan resistencia. De acuerdo con Magiorakos y colaboradores (2012), se establece que si una cepa bacteriana es resistente a tres o más grupos de antibióticos se define como “Bacterias multirresistentes” o MDR por sus siglas en inglés. Asimismo, cuando una bacteria es resistente a todos los antibióticos de todos los grupos, excepto a uno, se le define como “Extremadamente resistentes” o XDR; y, por último, cuando las bacterias que son resistentes a prácticamente todos los antibióticos de todos los grupos, se denominan como bacterias “panresistentes” o PDR. No obstante, no todas las bacterias que presentan resistencia antibióticos representan peligro clínico, puesto que cepas ambientales o no patógenas pueden contener genes de resistencia, por lo que es

necesario una caracterización del resistoma en diferentes ambientes (Dennessen et al., 1998; Magiorakos et al., 2012).

2.4.4. Elementos genéticos móviles

Los Elementos Genéticos Móviles (MGE), son segmentos de ADN que cuentan con capacidad de codificación de proteína o proteínas, y además de la facultad de movilizarse de manera intracelular o extracelularmente. Dicha capacidad de movilizarse puede ser en dirección cromosoma-plásmidos, plásmidos-plásmidos o plásmidos-cromosoma, lo que es considerado como una ventaja adaptativa (Partridge et al., 2018) (**Figura 6**).

Entre los MGE se encuentran los transposones (Tn), secuencias de inserción (IS) o los integrones (In). Tanto Tn y IS cuentan con la capacidad de moverse por sí mismos de manera intracelular en localizaciones tanto dirigidas como aleatorias dentro del genoma de una bacteria. Además, los In usan sitios específicos dentro del ADN para la recombinación de genes, incluso algunos MGE se unen al cromosoma bacteriano por medio de recombinación homóloga facilitando su integración al genoma bacteriano (Partridge et al., 2018).

2.4.5. Plásmidos

Considerado como un elemento con amplia importancia dentro de la diseminación de genes entre bacterias, se define a un plásmido como un segmento de ADN episomal (Li et al., 2019; Mesas et al., 2004; Minakhinat et al., 1999). Asimismo, los plásmidos bacterianos se encuentran constituidos por ADN de doble cadena, y en la mayoría de los casos, cerrado de manera circular, además de contar con la capacidad de replicarse independientemente del cromosoma debido a la presencia de un origen de replicación, secuencias genéticas, y promotores de transcripción para asegurar la expresión de proteínas mediante el reconocimiento de la maquinaria celular (Frost et al., 2005; Kottara et al., 2018).

2.4.6. Integrones

Los integrones se caracterizan por ser secuencias genéticas que cuentan con la capacidad de adquirir genes exógenos y añadirlos a su secuencia genética (Gillings, 2014). Los In cuentan con algunas características principales, como la presencia de genes codificadores de recombinasas, las cuales cuentan con la capacidad de unir un gen en un sitio de recombinación específico (Partridge et al., 2000). Otra característica adicional es la presencia de un promotor asociado al integron denominado *P_C*, que promueve la expresión de los genes

que sean adquiridos a la secuencia de ADN, la cual adquiere un arreglo en forma de cassette, en donde se pueden albergar más de un gen. Además, se pueden presentar marcos abiertos de lecturas en sentido reverso o promotores independientes dentro del cassette. Asimismo, los cassettes se unen por medio de un proceso reversible, es decir, pueden ser desprendidos de vuelta en una forma estructura similar a la de un plásmido (Gillings, 2014; Lévesque et al., 1994).

2.4.7. Transposones

Los transposones son elementos genéticos que cuentan con la capacidad de moverse de sitio en diversas secuencias de ADN (Ivics y Izsvák, 2006; Kidwell y Lisch, 1997). Los Tn adquieren su nombre característico por la presencia de una enzima llamada transposasa, que concede a algunas secuencias genéticas la capacidad de recolocarse en un nuevo sitio secuencial, mediante un mecanismo de cortar y pegar (Ivics y Izsvák, 2006).

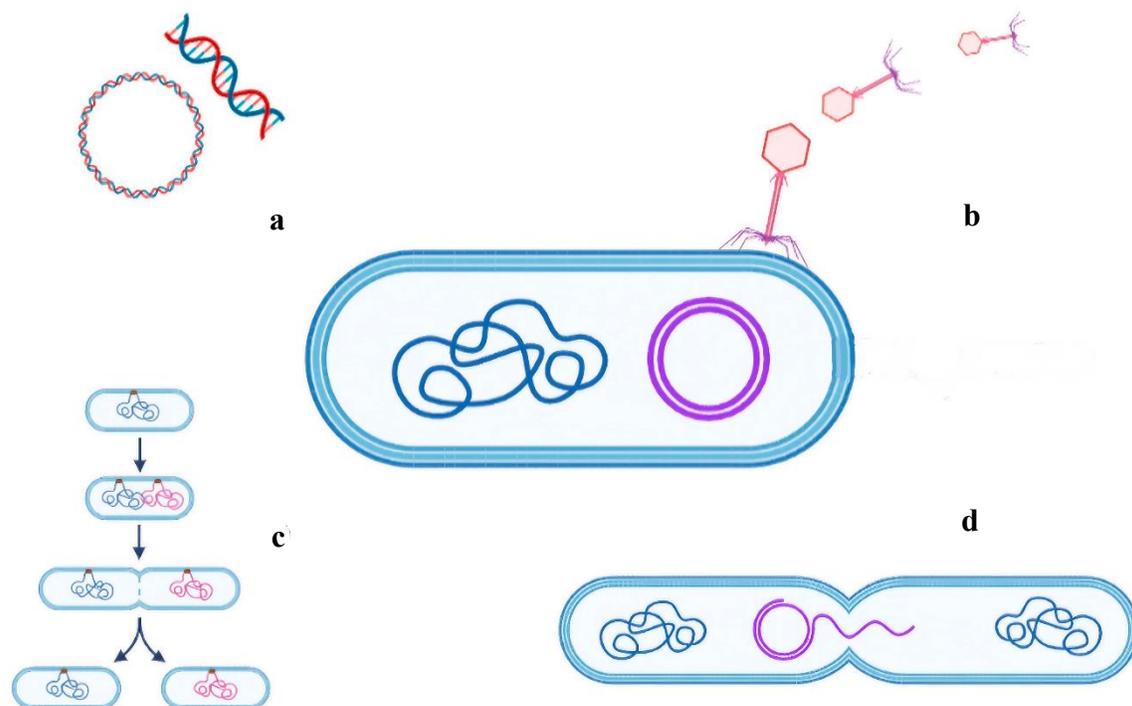


Figura 6. Mecanismos de transferencia de material genético en bacterias. a) Transformación; se lleva a cabo mediante la adquisición de ADN desnudo del medio extracelular, b) Transfección; mediado por infección viral, c) Transferencia vertical, herencia genética por medio de fisión binaria, d) Transferencia horizontal; mediado por la adquisición de ADN en conjugación con otra bacteria.

2.4.8. Genes de resistencia a antibióticos

En 1920 a partir del descubrimiento de los antibióticos por Alexander Flemming, la historia de la medicina tuvo un cambio radical. A partir de este descubrimiento, su uso provocó que la investigación médica se encaminara a descubrir y desarrollar más moléculas con capacidad antimicrobiana (Jiang et al., 2017a, 2017b). Aunado a esto, la oferta y la demanda generó grandes rendimientos en comercialización médica debido a su gran eficacia para tratar infecciones bacterianas y su gran facilidad para ser adquiridos. No obstante, la falta de una legislación adecuada ocasionó que su uso empezara a ser poco controlado e inadecuado, lo que provocó que algunas cepas bacterianas generaran mecanismos de resistencia a antibióticos mediado por presión selectiva (Pendleton et al., 2013). La resistencia a antibióticos es en gran parte mediada por mutaciones fenotípicas, como la presencia de bombas de eflujo que se encargan de expulsar las moléculas tóxicas fuera de la célula. También se ven involucrados algunos cambios en enzimas que son blanco para los antibióticos, promoviendo un menor efecto de estos; o bien, la producción de enzimas capaces de degradar a las moléculas de antibiótico a través de cambios estructurales de la membrana plasmática (Lin et al., 2015).

Los cambios fenotípicos de la resistencia a antibióticos están regulados por elementos genéticos (Lin et al., 2015), comúnmente denominados como Genes de Resistencia a Antibióticos (ARGs por sus siglas en inglés). Estos son genes con gran capacidad mutagénica y de dispersión ya sea a través de transferencia vertical y horizontal, que involucra la herencia genética hacia la progenie y la adquisición de genes por otros microorganismos por conjugación (Munita y Arias, 2016). Por otro lado, el proceso de infección mediado por la presencia de agentes virales como los bacteriófagos, promueve la introducción de ADN exógeno al genoma bacteriano, en el cual se pueden ver involucrados genes de resistencia provenientes de otras bacterias de procesos infecciosos anteriores (Kakasis y Panitsa, 2019). Adicionalmente, existe el mecanismo de transformación, que se caracteriza por la obtención de ADN desnudo, ya sea proveniente de lisis bacteriana, o por la expulsión de material genético hacia el espacio extracelular, además de material genético acarreado por algún otro vector específico. Por ello las bacterias pueden incorporar el material genético a su genoma bajo diferentes circunstancias (Johnston et al., 2014) **Tabla 2 y Figura 6.**

Tabla 2. Algunos grupos de antibióticos con sus mecanismos de acción, así como sus genes relacionados a resistencia a estos en bacterias

<i>Grupo de antibiótico</i>	<i>Mecanismo de acción</i>	<i>Genes de resistencia relacionados</i>	<i>Referencias</i>
Penicilinas, cefalosporinas, carbapenems o monobactámicos	Inhibidores de la síntesis de la pared celular, mediante la unión a betalactamasas	blaCTXM, blaTEM, blaND, blaOXA-A, blaSHV, mecA	(Wang et al., 2020)
Tetraciclinas	Inhibición de la síntesis de proteínas en las bacterias por su unión a la subunidad 30s del ribosoma bacteriano	tetA, tetB, tetE, tetG, tetH, tetS, tetT, tetX	(Roberts y Schwarz, 2016; Wang et al., 2020)
Sulfonamidas	Inhibición de la síntesis de ADN, mediante su función antagonista competitiva con al ácido paraaminobenzoico, precursor del ácido fólico	sul1, sul2, dhfr	(Wang et al., 2020)
macrólidos	Inhibición de la síntesis de proteínas en las bacterias por su unión a la subunidad 50s del ribosoma bacteriano	ereA, ermB, ermC, erm43	(Wang et al., 2020)
Quinolonas	Inhibición de la síntesis de ADN, mediante la inhibición de la topoisomerasa del tipo II	qnrS, qnrC, qnrD	(Wang et al., 2020)
Integron de clase I	Usualmente asociado a la diseminación genes de resistencia a antibióticos	Int1	(Rosewarne et al., 2010; Wang et al., 2020)
Vancomicina	Inhibición de síntesis de la pared celular mediante la unión a los aminoácidos terminales D-Ala-D-Ala C-, bloqueando el proceso de transglicosilación	VanA, VanB, Van D, VanE, VanG	(Courvalin, 2006),
Aminoglucósidos	Inhibición de síntesis proteica mediante la unión a la subunidad 30s ribosomal	ArmA, RmtA, RmtB, RmtC, RmtD, RmtF, RmtG, RmtH, NpmA, aac'	(Doi et al., 2016; Riccio et al., 2003)
Fenicoles	Inhibición de síntesis proteica mediante la unión a la unidad 50s ribosomal	cmIA, fexAv, cat, cat II, cmr, floR, oprA	(Roberts y Schwarz, 2016)

2.4.9. Genes de tolerancia a metales pesados

La presencia de metales pesados y metaloides es considerada como ubicua. Sin embargo, algunos elementos resultan tóxicos, incluyendo Co, Zn, Ni, Cu y As, por lo cual algunos organismos como las bacterias han desarrollado características fenotípicas mediada por elementos genéticos (Meng et al., 2021; Peng et al., 2009). De manera común, la expresión fenotípica se encuentra mediada por complejos transmembranales, para la expulsión de estos elementos al medio extracelular, o su conversión a complejos menos tóxicos (Imchen et al., 2018a). Debido a los diversos mecanismos de diseminación, estos elementos genéticos pueden verse comúnmente relacionados con genes de resistencia a antibióticos, como la resistencia a ampicilina mediada por MGE (Farias et al., 2015; Sabry et al., 1997). Además, algunos metales pesados como Zn, Cd y Cu se han relacionado con la resistencia a tetraciclina (Flach et al., 2017; Stepanauskas, 2006); Hg, Pb, As, Cd, Cr y Cu han sido concurrentes con la resistencia a vancomicina y teicoplanina (Pal et al., 2017; Rahman y Singh, 2018).

La tolerancia de metales pesados mediada por MGE puede presentarse en ambientes expuestos de manera exógena a algún elemento tóxico. Un ejemplo es el As, la expresión genes del operón *Ars*, son capaces de sintetizar un complejo proteico capaz de transformar algunas moléculas de arsénico a una forma menos tóxica y además de expulsarlas de la célula (Fekih et al., 2018; Saltikov y Olson, 2002; Yang et al., 2012). Otro mecanismo de tolerancia a metales pesados se relaciona con altas concentraciones de plomo, tal es el caso del mecanismo de acción mediado por el gen *pbrA* que expresa una bomba de eflujo dependiente de ATP para la expulsión del plomo al espacio intersticial (Borremans et al., 2001). También se reportan mecanismos de transporte de algunos metales pesados como Zn, Cd y Co regulados por la expresión del gen *czcD*, relacionado con un mecanismo complejo de expulsión de estos elementos (Fierros-Romer et al., 2016; Mihdir et al., 2016).

2.4.10. Diseminación de MGE en ecosistemas acuáticos

Los ecosistemas acuáticos representan un ambiente propicio para un sinnúmero de microorganismos, ya que algunos pueden adaptarse fácilmente a estas condiciones, incluso si de elementos genéticos se trata, estos encuentran un medio apto para su diseminación (Kraemer et al., 2019). La diseminación de los elementos genéticos móviles o MGE

(plásmidos, In y Tn) se incluye en esta dinámica, ya que es tan diverso el material genético que llega a estos ecosistemas que estos se pueden relacionar con diversas circunstancias, entre ellas las actividades antrópicas, las cuales pueden generar desequilibrio microbiológico bajo algunas circunstancias particulares (Squadrone, 2020). Algunas de las maneras más comunes en la cuales los MGE llegan a los ecosistemas acuáticos es por medio de contaminación, ya sea vertederos de plantas de tratamiento de aguas residuales tanto urbanas, industriales y agrícolas (**Figura 7**) (Suzuki et al., 2017).

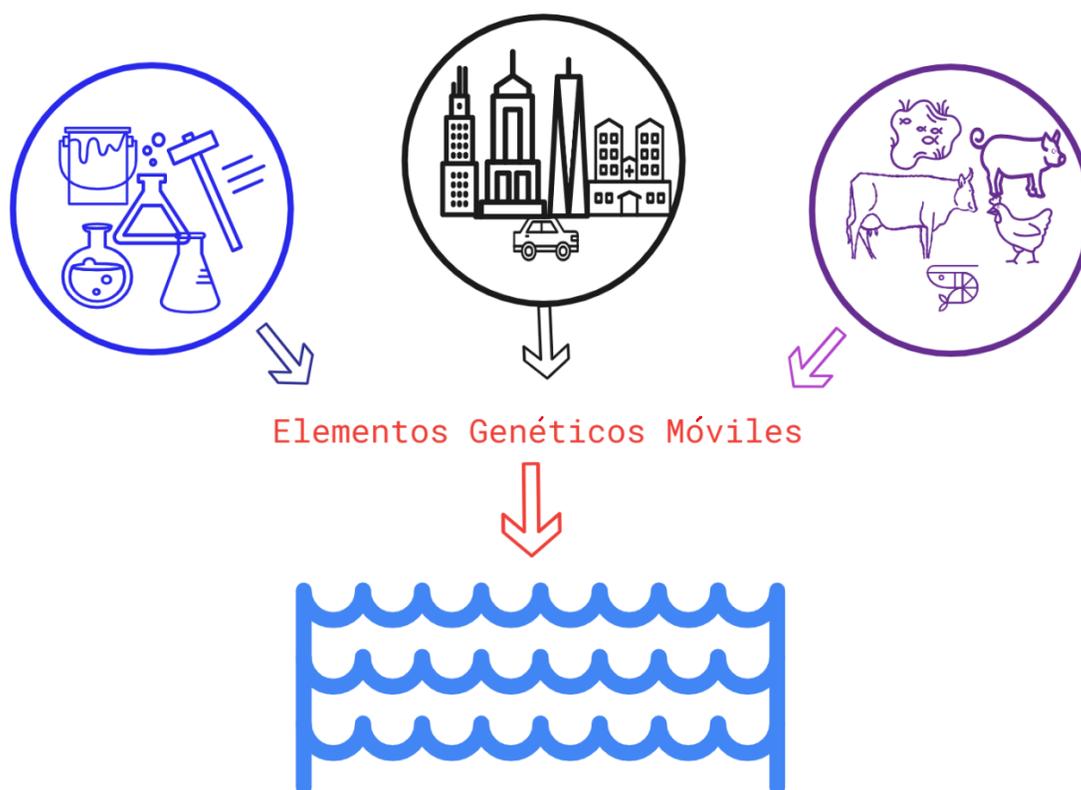


Figura 7. Principales fuentes de contaminación que propician la diseminación de MGE. a) Industria; farmacéutica y minera, entre otras, b) Desechos públicos municipales; tanto de zonas habitacionales como de centros de salud, c) Agricultura; desechos de medicina veterinaria y suplementos para agricultura.

2.4.11. Métodos de análisis moleculares

Actualmente los métodos de análisis de elementos genéticos, se llevan a cabo mediante herramientas moleculares, donde una opción por excelencia es la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) y las variantes de esta herramienta. Además, recientemente la implementación de algunas ciencias ómicas como genómica, transcriptómica, metabolómica,

y proteómica, pueden generar aproximaciones más específicas en el campo (Bouchez et al., 2016). En el caso específico de la PCR de punto final, es utilizada ampliamente para determinar la presencia de un gen en una muestra; y a partir del bandeo en los geles de agarosa se puede aislar el material genético de manera precisa para otros análisis como la secuenciación de dicho fragmento. Un caso específico de esta práctica es la determinación de la secuencia del gen 16S ribosomal como marcador de identidad que puede contribuir a determinar el género y especie taxonómico de una bacteria (Gutell et al., 1985).

III. JUSTIFICACIÓN

Los ecosistemas acuáticos en México suelen verse afectados por estrés antropogénico en sus inmediaciones. El río Conchos en el estado de Chihuahua, y los manglares árido tropicales del estado de Baja California Sur no son la excepción, ya que sea por daños ocasionados por las inclemencias climatológicas o por actividades antropogénicas como las actividades urbanas, turísticas, recreativas y económicas, entre otras. La búsqueda de indicadores fisicoquímicos y microbiológicos genera la oportunidad de analizar las perturbaciones ocasionadas por las actividades humanas, que tienen el potencial de dañar el ecosistema, y, por lo tanto, afectar de manera directa o indirecta la biota dependiente de estos ecosistemas. Por otro lado, la generación de información en ambos ecosistemas resultaría esencial para conocer el estado actual de estos ecosistemas.

IV. HIPÓTESIS

El estrés antropogénico altera las características fisicoquímicas y microbiológicas de agua y sedimentos, en dos ecosistemas acuáticos distintos; dulceacuícolas (río Conchos, Chihuahua, México) y marinos (manglares árido tropicales, Baja California Sur, México).

V. OBJETIVOS

5.1. Objetivo General

Realizar un monitoreo fisicoquímico y microbiológico de sedimento y agua en el río Conchos en Chihuahua, México y los manglares árido tropicales del estado de Baja California Sur, México.

5.2. Objetivos específicos

- Determinar la cantidad de bacterias indicadoras fecales de sedimentos del río Conchos y de manglares seleccionados de la península de Baja California Sur.
- Aislar bacterias patógenas de los géneros *Aeromonas* spp., *Vibrio* spp. y *Salmonella* spp. en sedimentos del río Conchos y de manglares de Baja California Sur, así como determinar su perfil de resistencia a antibióticos.
- Determinar presencia de metales pesados en sedimentos del río Conchos y de manglares de Baja California Sur.
- Caracterizar las propiedades fisicoquímicas del agua superficial del río Conchos.
- Aislar bacterias multirresistentes a antibióticos de sedimentos de los manglares de Baja California Sur y determinar sus perfiles de resistencia los mismos.
- Determinar presencia de genes de resistencia tanto a antibióticos como metales pesados en los aislados multirresistentes de Baja California Sur.
- Identificación molecular de las cepas multirresistentes de sedimento de los manglares de Baja California Sur.
- Determinar presencia de genes de resistencia tanto a antibióticos como de tolerancia a metales pesados en sedimentos de los manglares de Baja California Sur.

VI. MATERIALES Y MÉTODOS.

6.1. Materiales y Equipo

6.1.1. Muestras.

- Sedimentos de Bahía Magdalena y Bahía de la Paz, del Estado de Baja California Sur.
- Sedimentos del río Conchos, Chihuahua.

6.1.2. Materiales.

- Asa de platino, níquel 3 mm de diámetro (10 uL)
- Varilla en L
- Micro pipetas volumétricas, Eppendorf® Research® (Alemania) (2.5, 10, 20, 100 y 1000 µL)
- Puntillas para micro pipeta applied biosystems® (Estados Unidos)
- Tubos Eppendorf® (1.5 mL y 2 mL)
- Tubos de reacción de PCR Applied biosystems® (Estados Unidos)
- Espátula
- Cajas Petri de plástico desechables
- Gradillas para tubos de ensaye
- Bolsas herméticas Ziploc ®
- Mechero de gas Bunsen
- Matraz Erlenmeyer Pirex® (Francia)

6.1.3. Equipos

- Autoclave de presión T-Fal
- Incubadora microbiológica Fisher Scientific 36±1°C

- Incubadora microbiológica Fisher Scientific 26±1°C
- Balanza granataria Triple Beam Balance OHAUS (2610 g)
- Balanza analítica digital
- Vortex Thermolyne, Maxi Mix Plus TM
- Congelador -20°C Norlake Scientifics (Estados Unidos)
- Microscopio Olympus CX21LED (Japón)
- Refrigerador 5°C Torrey CT-R (México)
- Innova TM 4300 Digital Incubator Shaker
- Microcentrifuga
- S2 picofox Bruker ® (Alemania)
- Nucleador de aluminio de 1 mt Gauger auger Inoxidable 2^{1/2} X 40 Inch. AMS ® (Francia)
- Cámara de electroforesis horizontal Biorad® (Estados Unidos)
- Fuente de poder Biorad® (Estados Unidos)
- Termociclador T100TM Biorad® (Estados Unidos)
-

6.1.4. Medios de cultivo

- Agar Sulfito de Bismuto BD Bioxon TM (México)
- Agar MacConkey BD Bioxon TM (México)
- Caldo Nutritivo BD Bioxon TM (México)
- Agar Lisina Hierro Difco TM (México)
- Agar Kligler Hierro MCD Lab (México)
- Caldo Rojo de Metilo y Voges Proskauer MCD Lab (México)
- Agar Movilidad Indol Ornitina Difco ® (México)
- Agar Citrato de Simmons BD BBL (Estados Unidos)
- Agar Triple Hierro Azúcar BD BBL (Estados Unidos)
- Agar Bacteriológico BD Bioxon TM (México)
- Agar Nutritivo BD Bioxon TM (México)
- Agar Tripticaseína de Soya BD Bioxon TM (México)
- Agar TCBS BD Difco TM (México)
- Agar base para Aeromonas con ampicilina Sigma-Aldrich ® (Estados Unidos)

- Caldo Rappaport-vassiliadis soya BD Difco™ (México)
- Caldo Muller-Kaufman Tetrionato Novobiocina Sigma-Aldrich® (Estados Unidos)
- Medio EC Difco® (México)
- Agar Verde Brillante, MCD Lab (México)
-

6.1.5. Reactivos

- Alcohol acetona
- Alcohol etílico 70%
- NaCl
- Cristal Violeta Hycel MR y Golden Bell MR
- Safranina Hycel MR
- Yodolugol Hycel MR y Golden Bell MR
- Solución salina fisiológica 0.85%
- Rojo de Metilo
- α -Naftol
- KOH 40%
- Reactivo de Kovacs
- Ampicilina (Alfa Aesar) 32 mg/L
- Kanamicina (Alfa Aesar) 64 mg/L
- Cloranfenicol (Alfa Aesar) 32 mg/L
- Cefotaxima (Alfa Aesar) 4 mg/L
- Ciprofloxacina (Alfa Aesar) 4 mg/L
- Vancomicina (Alfa Aesar) 32 mg/L
- Tetraciclina (Alfa Aesar) 16 mg/L
- 5 x colorness GoTaq® Flexibuffer
- GoTaq® Flexibuffer Polymerase
- MgCl₂ (25 mM) Promega®
- PCR Nucleotide Mix, (25 mM) Promega® (México)
- Agua libre de nucleasas ThermoFisher Scientific® (Estados Unidos)
- Primers (UNIPARTS®) (México)

- SERVA ® (Alemania)

6.2. Metodología

6.2.1. Recolección de muestras

6.2.1.1. Manglares Árido tropicales

La recolección de los sedimentos en el estado de Baja California Sur se llevó a cabo entre los meses de junio y julio de 2022 en la zona de Bahía Magdalena ubicada la región del océano Pacífico del estado, que es una de las zonas más relevantes en cuanto a presencia del ecosistema manglar en el estado. El segundo muestreo se realizó en julio se llevó a cabo en la zona de la Bahía de La Paz, que se caracteriza por su cercanía al asentamiento urbano más grande del estado (Ciudad de La Paz). En los siguientes mapas se identifican los sitios y puntos en que fueron tomadas las muestras de sedimento correspondientes de los manglares árido tropicales: Manglar Termoeléctrica (**Figura 8**), Manglar Banderitas (**Figura 9**), Manglar Estero Zacatecas (**Figura 10**), Manglar Cola de Ballena (**Figura 11**). Para la recolección de muestras fue empleado un nucleador de 1 metro para la obtención de sedimentos asociados a raíz de manglar bajo 2 profundidades distintas de 15 y 30 cm. En ambos casos se tomaron duplicados de cada punto y profundidad, las primeras repeticiones se mantuvieron a temperatura ambiente para los análisis microbiológicos y químicos, mientras que las segundas se almacenaron bajo congelación para las determinaciones moleculares (**Figura 12**) (**Apéndice; Tabla 21**).



Figura 8. Manglar Termoeléctrica; Se presentan los 12 puntos de muestreo bajo el prefijo TE# (Google, n.f.)

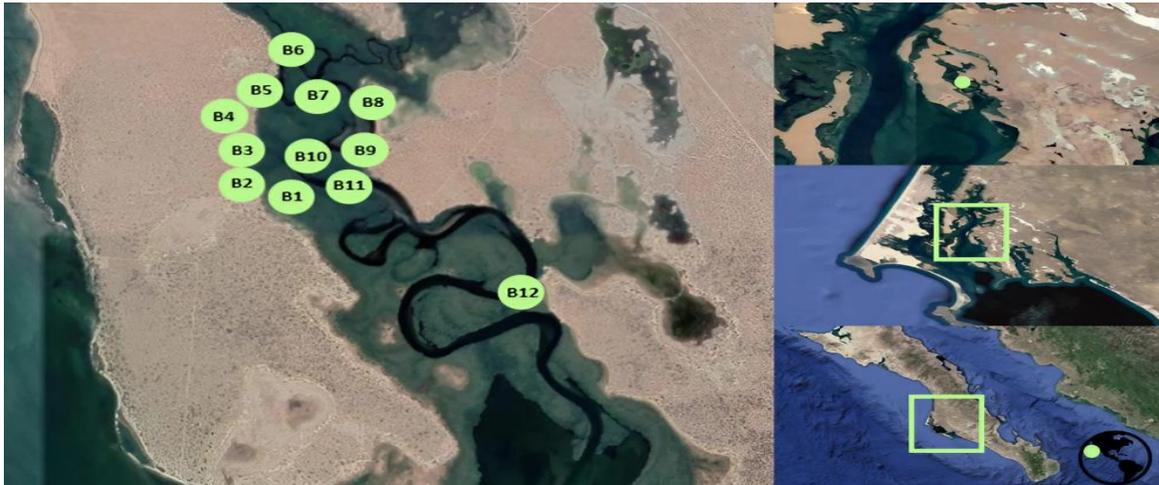


Figura 9. Manglar Banderitas; Se presentan los 12 puntos de muestreo bajo el prefijo B#. (Google, n.f.)



Figura 10. Manglar Estero Zacatecas; Se presentan los 12 puntos de muestreo bajo el prefijo EZ#. (Google, n.f.)



Figura 11. Manglar Cola de Ballena; Se presentan los 6 puntos de muestreo bajo el prefijo CB#. (Google, n.f.)



Figura 12. Muestreo; En las imágenes se muestra el método de recolección y selección de las muestras. a, b y c) Uso del nucleador para extracción de las muestras. d) Medición y almacenamiento de las muestras.

6.2.1.2. Río Conchos

Para la selección de puntos de recolección de muestras de sedimento del río Conchos se tomaron en cuenta los criterios expuestos a continuación (**Tabla 3**) (**Figura 13**, **Figura 14** y **Figura 15**). En cada punto se extrajeron sedimentos a 2 profundidades; 5 y 10 cm.

Tabla 3. Puntos y criterios de selección de puntos de muestreo.

Zonas de Estudio	Coordenadas	Puntos a analizar	Régimen fluvial
Zona Serrana: Humedal de Guachochi.	27.45873-105.82209	1. Antes de asentamiento humano	-Pluvial
	27.46157-105.81010	2. Durante asentamiento humano	- Media estacional
	27.47330-105.80679	3. Después del asentamiento humano	-Estiaje
Zona de meseta: Vado de Meseta	28.23665 - 105.50388	1. Antes de asentamiento humano	-Pluvial
	28.26145 - 105.47765	2. Durante asentamiento humano	-Media estacional
	28.27775 - 103.45208	3. Después del asentamiento humano	-Estiaje
Zona del desierto: Cañón del Pegüis	29.53485 - 104.50216	1. Antes de asentamiento humano	-Pluvial
	29.56907 - 104.41109	2. Durante asentamiento humano	- Media estacional
	N/A	3. Después del asentamiento humano	-Estiaje



Figura 13. Zona Serrana; Punto 1; Antes del establecimiento humano, Punto 2; Durante el establecimiento humano, Punto 3; Después del establecimiento humano (Google, n.f.)



Figura 14. Zona de Meseta; Punto 1; Antes del establecimiento humano, Punto 2; Durante el establecimiento humano, Punto 3; Después del establecimiento humano (Google, n.f.).



Figura 15. Zona Desértica; Punto 1; Antes del establecimiento humano, Punto 2; Durante el establecimiento humano, Punto 3; En este sitio este último fue omitido (Google, n.f.)

6.2.2. Medición de propiedades fisicoquímicas del agua superficial (río Conchos)

La determinación de las propiedades fisicoquímicas de agua superficial del río Conchos se llevó a cabo mediante el uso de un medidor multiparámetro HI98194 de Hanna Instruments ®. Para este fin se determinaron los valores correspondientes para pH, conductividad, resistividad, presión, ppmTDS y PSU.

6.2.3. Preparación de diluciones seriadas (río Conchos y manglares arido tropicales)

Para la preparación de los inóculos se realizaron diluciones seriadas en 9 mL de solución salina estéril al 0.85% a partir de 1g de sedimento seco de las muestras obtenidas. Las diluciones preparadas fueron las siguientes: 10^1 , 10^2 , 10^3 y 10^4 .

6.2.4. Determinación de coliformes fecales (río Conchos y manglares arido tropicales)

Para la determinación de coliformes fecales, se tomó como inóculo inicial 100 μ L de las diluciones seriadas 10^3 y 10^4 previamente preparadas, para posteriormente ser añadido al medio agar MacConkey, a partir de siembra por extensión en placa por triplicado, e incubación a 37° C por 24h.

A partir de las colonias obtenidas después de la incubación se aplicó el primer escrutinio. Aquellas cepas que contaran con las características morfológicas coloniales como presencia de crecimiento de colonias color rojo-rosado con precipitado biliar turbio en las orillas se consideraron como colonias potencialmente positivas a *Escherichia coli*. De la misma manera, a partir de la presencia de crecimiento de estas colonias se calculó la cantidad de Unidades Formadoras de Colonias (UFC) por gramo de sedimento a partir de la siguiente fórmula:

$$\text{UFC/g} = \frac{\text{No. de colonias} \times \text{Factor de Dilución}}{\text{Volumen de inóculo inicial}}$$

Como último paso, se realizó la confirmación del género de los coliformes fecales mediante las siguientes pruebas bioquímicas (Agar TSI, MIO, Rojo de Metilo, Vogues Proskauer, Citrato de Simmons) (**Anexos, Tabla 20**).

6.2.5. Determinación de *Enterococcus* spp. (río Conchos y manglares árido tropicales)

Para la determinación de las bacterias del género *Enterococcus* spp., se tomó como inóculo inicial 100 µL de las diluciones seriadas previamente preparadas, siendo las diluciones 10^3 y 10^4 utilizadas para este propósito. Posteriormente fue añadido al agar nutritivo al 6.5% de NaCl por siembra por extensión en placa, por triplicado, y fueron incubadas a 37° C de 24 a 48h. Después de la incubación se consideraron aquellas colonias que contaran con características morfológicas coloniales con crecimiento de colonias pequeñas translucidas como cepas potencialmente positivas para *Enterococcus* spp.

De la misma manera partir de aquellas muestras con presencia de crecimiento de las colonias potencialmente positivas se calculó la cantidad de Unidades Formadoras de Colonias (UFC) a partir de la formula UFC/g, descrita en el punto anterior. Asimismo, y al igual que los coliformes fecales se realizó la confirmación del género de *Enterococcus* mediante la prueba bioquímica de hidrolisis de bilis esculina (**Anexos; Tabla 20**).

6.2.6. Determinación de perfiles fenotípicos de multirresistencia de indicadores fecales (río Conchos y manglares árido tropicales)

Para la determinación de los perfiles de resistencia a antibióticos, se tomaron en cuenta aquellas cepas positivas tanto para coliformes fecales como *Enterococcus* spp. en los distintos métodos de selección para realizar la prueba de resistencia a antibióticos por medio del método de Kirby-Bauer (Furtado y Medeiros, 1980; McFarland J, 1907). Para este fin, fueron utilizados sensidiscos de ampicilina, vancomicina, tetraciclina, cefotaxima y cloranfenicol, en medio Mueller-Hinton que se incubó por 24 h a $36 \pm 1^\circ\text{C}$.

Una vez concluido el tiempo de incubación se tomaron las cajas Petri correspondientes y se midió el halo de inhibición para determinar el tipo de resistencia de los indicadores fecales aislados, de acuerdo con los límites establecidos por el CLSI, para determinación de perfiles de resistencia por difusión en discos (CLSI, 2022).

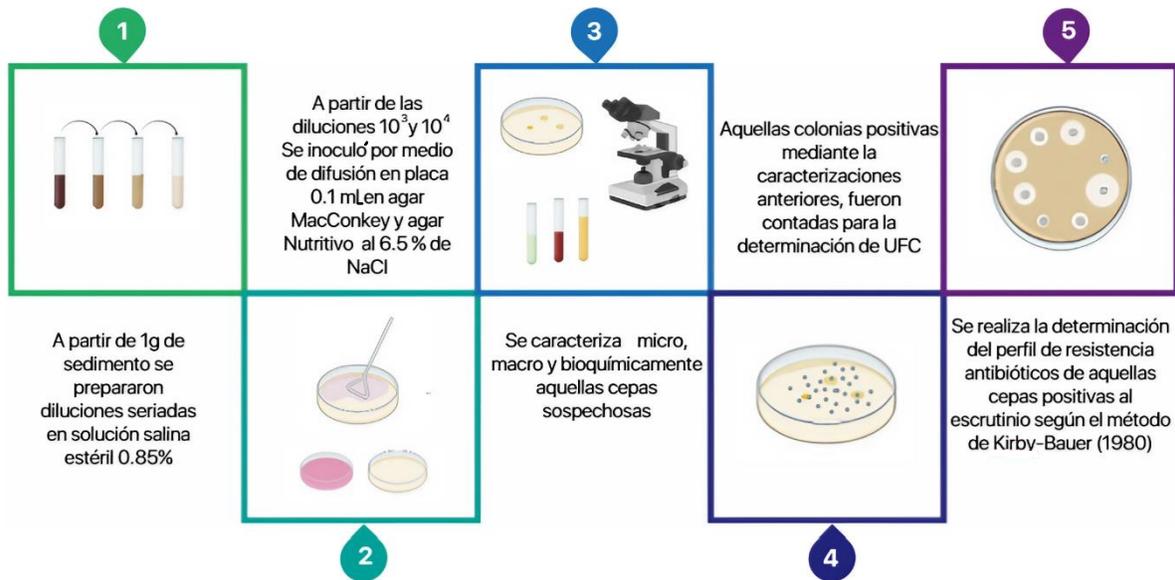


Figura 16. Proceso de aislamiento y determinación de indicadores fecales

6.2.7. Determinación de *Salmonella* spp. en río Conchos y manglares árido tropicales

La determinación de *Salmonella* spp., se basó en la zonificación de cada uno de los sitios de muestreo, basados en 3 zonas distintas del manglar de acuerdo a su dinámica, tal y como se enlista en la **Tabla 4**. Mientras que para los sitios del río Conchos se tomaron en cuenta todos los puntos por separado, en un conjunto de las muestras con ambas profundidades (5 y 10 cm). La metodología empleada fue basada por lo establecido en la Norma Oficial Mexicana NOM-242-SSA1-2009 (Secretaría de Salud, 2009) la metodología general se describe en la **Figura 17**.

Para la preparación inicial del medio de pre-enriquecimiento se utilizaron 25 g de sedimento (en el caso de los pools se dividió la suma total de sedimento en cada uno de los puntos de la zona, para llegar a los 25g). A partir de aquí, la muestra fue inoculada en 225 mL de agua peptonada (pH 6.8). Posterior a esto, la muestra fue dejada en reposo a temperatura ambiente 60 minutos para sucesivamente ser incubada por 24h a 35° C. Una vez transcurrido el tiempo se tomó una muestra de 1 mL del medio de pre-enriquecimiento a tubos con 9 mL de medio líquido de enriquecimiento selectivo caldo Rappaport Vassilidiasis y Muller Kauffmann

tetracionato novobiocina (MKTTn), para ser nuevamente incubados de la siguiente manera; RVS 24 h \pm 3 h a 41.5 °C \pm 1 °C por y el caldo MKTTn a 24 h \pm 3 h a 36 °C \pm 1 °C. Para la etapa de aislamiento se utilizaron los medios de cultivo solido Agar sulfito de bismuto y Agar Salmonella - Shigella, los cuales fueron inoculados a partir de los Medios RVS y MKTTn, procesados previamente. Las placas fueron dejadas a incubar por 24 h \pm 3 h a 36 °C \pm 1 °C. Las pruebas bioquímicas correspondientes se enlistan en la sección de Anexos (TSI, LIA, Urea, Citrato de Simmons).

Tabla 4. Zonificación para la elaboración de agrupados de muestras para la determinación de *Salmonella* spp., *Aeromonas* spp. y *Vibrio* spp. en los manglares árido tropicales de Baja California Sur.

Sitio	Zona	Puntos	Profundidad
Termoeléctrica	1	TE 1, TE 2, TE 3, TE 4 y TE 5	15 y 30 cm
	2	TE6, TE7, TE8, TE9, TE10, TE11 y TE12	15 y 30 cm
Banderitas	1	B1, B2, B3, B4, B5, B6, B7, B8, B9, B10 y B11	15 y 30 cm
	2	B 12	15 y 30 cm
Estero Zacatecas	1	E10, E11 y E12	15 y 30 cm
	2	E1, E2, E3, E4, E5, E6, E7, E8, E9	15 y 30 cm
Cola de Ballena	1	CB1, CB2 y CB3	15 y 30 cm
	2	CB4, CB5 y CB6	15 y 30 cm

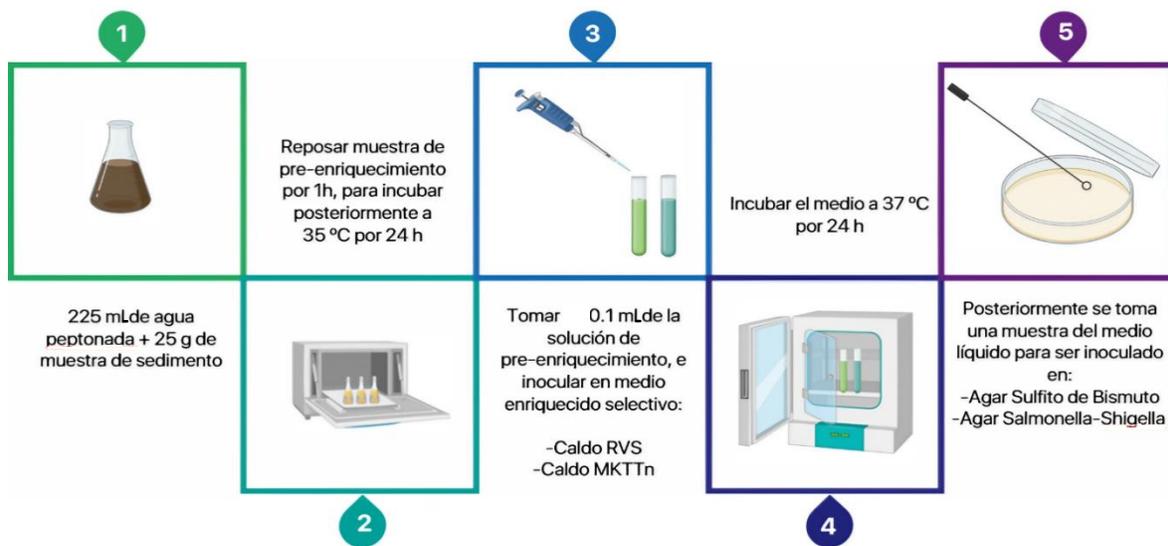


Figura 17. Metodología para el aislamiento de *Salmonella* spp. en sedimentos de manglares (NOM-242-SSA1-2009).

6.2.8. Aislamiento de *Aeromonas* spp. y *Vibrio* spp. en río Conchos y manglares árido tropicales

Para el aislamiento de *Aeromonas* spp. y *Vibrio* spp., se tomó en cuenta la metodología empleada por Wang y Gu., 2005, empleando la zonificación representada en la **tabla 4**. Para esto se tomaron 10 g de sedimento. resultantes de la división de la suma total de sedimento en cada uno de los puntos y profundidades de las zonas para llegar a los 10g, el cual fue homogenizado en 90 ml de agua peptonada (pH 8.6), y se dejó incubando a 150 rpm a 30 °C por 12 h. Para la inoculación del agar TCBS y agar *Aeromonas* base suplementado con ampicilina (32 µg/mL), se tomó 0.1 mL del agua peptonada previamente inoculada, y por medio de siembra por extensión en placa inocular los medios en agar, y consecuentemente ser incubadas por 48h a 30 °C. A continuación, se comprobó el crecimiento y presencia de bacilos Gram positivos y realizar la prueba de oxidasa (Positiva) para diferenciar la presencia de enterobacterias. Aquellas bacterias que resultaron positivos a la prueba de la oxidasa fueron analizadas posteriormente por medio de pruebas bioquímicas correspondientes (**Anexo; Tabla 20**). Además, aquellas pruebas positivas, fueron sometidas a un test de resistencia antibióticos, tal y como se describe en el punto **6.2.3**.

6.2.9. Aislamiento de bacterias multirresistentes en manglares árido tropicales

La determinación de bacterias multirresistentes se llevó a cabo a partir de las diluciones preparadas previamente (10^3 y 10^4), a partir de aquí, 0.1 mL fueron inoculados por triplicado por difusión en placa en agar TSA bajo 3 concentraciones NaCl distintas (0, 1.5 y 3%). Subsecuentemente fueron dejadas a incubar a $37 \pm 1^\circ\text{C}$ por 24 h según el método empleado por Zapien en 2021. Posterior a esto cada una de las cepas fueron aisladas por separado para procedimientos posteriores.

6.2.10. Determinación de perfil de resistencia a antibióticos en manglares árido tropicales

Para la determinación de perfiles de multirresistencia, se realizó la preparación de agar TSA en conjunto con las siguientes concentraciones de antibiótico, por el método incorporación de antibiótico en agar; tetraciclina (16 $\mu\text{g}/\text{mL}$), ampicilina (32 $\mu\text{g}/\text{mL}$), vancomicina (32 $\mu\text{g}/\text{mL}$), cefotaxima (4 $\mu\text{g}/\text{mL}$), cloranfenicol (32 $\mu\text{g}/\text{mL}$), kanamicina (64 $\mu\text{g}/\text{mL}$) y ciprofloxacino (4 $\mu\text{g}/\text{mL}$) según los estándares establecidos por el CLSI para la determinación de resistencia a antibióticos a partir del método mencionado previamente (CLSI, 2021). Para este propósito las cajas Petri (90 x15 mm) con el medio correspondiente fueron divididas en 26 cuadrantes distintos para poder apreciar el crecimiento sin riesgo de contaminación y sesgo del resultado (**Figura 19**). Subsecuentemente, fueron dejadas incubando a $37 \pm 1^\circ\text{C}$ por 48 h. Posterior a esto, se verificó el crecimiento de las cepas, donde en caso positivo estas se categorizarían como resistentes y en caso contrario sensibles. Aquellas cepas con un perfil de multirresistencia fenotípica a antibióticos (>3 grupos de antibióticos) fueron conservadas en agar TSA pico de flauta adicionado con una concentración de antibiótico correspondiente al cual presentaron resistencia para evitar la pérdida de las características fenotípicas de multirresistencia, para poder ser utilizadas en los procedimientos posteriores.



Figura 18. División en cuadrantes de caja Petri (90 x 15 mm)

6.2.11. Extracción de ADN total bacteriano en manglares árido tropicales

Para la extracción de ADN total bacteriano se empleó el kit comercial Promega Wizard® Genomic DNA Purification Kit. Para este fin, todas aquellas bacterias con perfiles de multirresistencia preservadas en el paso anterior, fueron inoculadas en 15 mL de medio Luria Bertani a $37 \pm 1^\circ\text{C}$ en agitación constante a 50 rpm por entre 24 y 72 h (**Anexos**).

6.2.12. Extracción de ADN de sedimentos en manglares árido tropicales

Para la extracción de ADN de sedimentos, se empleó nuevamente el kit Promega Wizard® Genomic DNA Purification Kit, asimismo se realizó una limpieza adicional para eliminar la presencia de inhibidores de la reacción de PCR, por lo cual fue empleado el kit Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System. Para este propósito fueron utilizados 200 mg de sedimento congelado (**Anexos**).

6.2.13. Determinación de metales pesados de sedimento en río Conchos y manglares árido tropicales

Para la determinación de metales pesados en muestras de sedimento se emplearon 20 mg de sedimento seco llevado a polvo fino por mortero, para ser añadido posteriormente a una solución de 995 μL al 2% alcohol polivinílico y a una concentración de 0.01M de EDTA, en conjunto con un volumen de 5 μL de una solución estándar de 1000 ppm de Selenio, se homogenizó completamente la muestra por agitación (Brucker, 2020; IAEA, 2014). En la siguiente etapa se vertieron 10 μL de la solución preparada en el centro de discos de cuarzo tratados previamente con una solución de silicón en isopropanol (CERVA®), los cuales fueron expuestos a una parrilla de calentamiento por 30 minutos a 60°C para ayudar a fijar

la muestra en los discos y poder ser analizadas. Transcurrido el tiempo los discos con las muestras fueron acomodadas en carretes de 25 espacios, y sometidas al XTFR con un tiempo de análisis de 300 segundos por disco, todas las muestras fueron sometidas a análisis por triplicado (**Figura 20**).



Figura 19. Protocolo de preparación y determinación de metales pesados de sedimento a través de espectrofotometría de rayos X (Brucker, 2020; IAEA, 2014).

6.2.14. Determinación de genes de resistencia a antibióticos y tolerancia a metales pesados por PCR en manglares árido tropicales

La determinación de genes de resistencia se realizó a partir de las muestras de ADN de bacterias multirresistentes y sedimentos. Bajo este contexto, los oligonucleótidos requeridos fueron mandados a sintetizar (IBTUNIPARTS, Ciudad de México, México). Las reacciones fueron llevadas a cabo en volúmenes de 25 µL de acuerdo las siguientes concentraciones; dNTPs (0.1 mM) (Promega), MgCl (1.5 mM) (Promega), 1x PCR buffer (GoTaq Flexi buffer), oligonucleótidos (10 mM), Taq polimerasa (0.025 U/µL) (GoTaq Flexi DNA polimerase), y 50 ng de plantilla de ADN.

En la **Tabla 5** se especifican los oligonucleótidos empleados y las condiciones de puntuales de cada reacción PCR.

Tabla 5. Secuencias de Oligonucleótidos y sus condiciones para cada reacción.

Aminoglucósidos			
Gen: <i>aph</i> Tamaño de amplicon: 505pb Secuencia F: GAG CAA TAA GGG CAT ACC AAA AAT C TM: 54°C Secuencia R: CCG TGC ATT TGT CTT AAA AAA CTG G TM: 54°C	Codifica para una enzima bifuncional modificadora de aminoglucósidos	94°C 5 min 94°C 30 seg 55°C 1 min 72°C 1 min 72°C 5 min 30 ciclos	Kao et al., 2000
Cloranfenicoles			
Gen: <i>optrA</i> Tamaño de amplicon: 422pb Secuencia F: TAC TTG ATG AAC CTA CTA ACC A TM: 49°C Secuencia R: CCT TGA ACT ACT GAT TCT CGG TM: 52°C	Modificación por metilación de la subunidad 50s	94°C 5 min 94°C 1 min 53°C 1 min 72°C 1 min 72°C 5 min 35 ciclos	Brenciani et al., 2016
Sulfonamidas			
Gen: <i>sul1</i> Tamaño de amplicon: 433pb Secuencia F: CGGCGTGGGCTA CCTGAACG TM: 72°C Secuencia R: GCC GAT CGC GTG AAG TTC CG TM: 70°C	Síntesis de variante de la enzima DHPS	94°C 5 min 94°C 1 min 55°C 1 min 72°C 1 min 72°C 5 min 30 ciclos	Hoa et al., 2008
Sulfonamidas			
Gen: <i>sul2</i> Tamaño de amplicon: 293pb Secuencia F: GCG CTC AAG GCA GAT GGC ATT TM: 68°C Secuencia R: GCG CTC AAG GCA GAT GGC ATT TM: 70°C	Síntesis de variante de la enzima DHPS	94°C 5 min 94°C 1 min 55°C 1 min 72°C 1 min 72°C 5 min 30 ciclos	Hoa et al., 2008
Integrón			
Gen: <i>Int1</i> Tamaño de amplicon: 923pb Secuencia F: GTT CGG TCA AGG TTC TGG TM: 64°C Secuencia R: GTA GAG ACG TCG GAA TGG TM: 64°C	Síntesis de enzima integradora, capaz de integrar Elementos Genéticos Móviles a casetes de resistencia	94°C 5 min 94°C 1 min 67°C 1 min 72°C 1 min 72°C 5 min 35 ciclos	Cergole et al., 2011
β - lactamasas			
Gen: <i>blaCTXM</i> Tamaño de amplicon: 593pb Secuencia F: ATG TGC AGY ACC AGT AAR GT TM: 63°C Secuencia R: TGG GTR AAR TAR GTS ACC AGA TM: 64°C	Síntesis de β - lacta masa de espectro extendido, que inactiva a los antibióticos del grupo betalactámicos	94°C 10 min 94°C 1 min 58°C 2 min 72°C 3 min 35 ciclos	Shahid, 2010
Gen: <i>blaCTXM</i> Tamaño de amplicon: 593pb	Síntesis de β - lacta masa de espectro	94°C 10 min 94°C 1 min 58°C 2 min	Shahid, 2010

Secuencia F: ATG TGC AGY ACC AGT AAR GT TM: 63°C Secuencia R: TGG GTR AAR TAR GTS ACC AGA TM: 64°C	extendido, que inactiva a los antibióticos del grupo betalactámicos	72°C 3 min 35 ciclos	
Carbapenem			
Gen: <i>blaVIM</i> Tamaño de amplicon: 621pb Secuencia F: GTT TGG TCG CAT ATC GCA AC TM: 65°C Secuencia R: AAT GCG CAG CAC CAG GAT AG TM: 66°C	Síntesis de metalo β – lactamasa, que inactiva a los antibióticos del grupo betalactámicos	94°C 10 min 94°C 30 seg 52°C 40 seg 72°C 50 seg 72°C 5 min 36 ciclos	Poirel et al., 2011
Carbapenem			
Gen: <i>blaNDMF</i> Tamaño de amplicon: 432pb Secuencia F: GTT TGG TCG CAT ATC GCA AC TM: 65°C Secuencia R: AAT GCG CAG CAC CAG GAT AG TM: 66°C	Síntesis de metalo β – lactamasa, que inactiva a los antibióticos del grupo betalactámicos	94°C 10 min 94°C 30 seg 52°C 40 seg 72°C 50 seg 72°C 5 min 36 ciclos	Poirel et al., 2011
Carbapenem			
Gen: <i>blaKPC</i> Tamaño de amplicon: 880 pb Secuencia F: TGT CAC TGT ATC GCC GTC TAG TM: 66°C Secuencia R: TTA CTG CCC GTT GAC GCC CAA TCC TM: 71°C	Síntesis de una carbapenemasa de clase A, que inactiva a los antibióticos del grupo betalactámicos	94°C 3 min 94°C 1 min 52°C 1 min 72°C 1 min 72°C 10 min 30 ciclos	Gootz et al., 2009
Quinolonas			
Gen: <i>qnrSF</i> Tamaño de amplicon: 428 pb Secuencia F: GCA AGT TCA TTG AAC AGG GT TM: 63°C Secuencia R: TCT AAA CCG TCG AGT TCG GCG TM: 68°C	Síntesis de la proteína Qnr que se une a la topoisomerasa de tipo	95°C 1 min 95°C 1 min 54°C 1 min 72°C 1 min 72°C 10 min 35 ciclos	Matsumura et al., 2017
Glucopéptidos			
Gen: <i>vanA</i> Tamaño de amplicon: 378pb Secuencia F: CTG TGA GGT CGG TTG TGC G TM: 68°C Secuencia R: TTT GGT CCA CCT CGC CA TM: 64°C	Síntesis de ligasa D- Ala-D-Ala, para evitar el efecto de la vancomicina	96°C 5 min 95°C 1 min 55°C 30 seg 72°C 30 seg 72°C 10 min 30 ciclos	Volkman et al., 2004
Tetraciclina			
Gen: <i>tetA</i> Tamaño de amplicon: 158pb Secuencia F: AGT GGA GCG ATT ACA GAA TM: 61°C Secuencia R: CAT ATG TCC TGG CGT GTC TA TM: 65°C	Efecto de bomba de eflujo eliminando la tetraciclina de la célula bacteriana	95°C 10 min 94°C 30 seg 55°C 30 seg 72°C 30 seg 72°C 10 min 30 ciclos	Strommenger, et al., 2003
Tolerancia a Cu, Zn y Cd			
Gen: <i>czcD</i> Tamaño de amplicon: 398pb	Síntesis de una proteína de membrana	95°C 10 min 93°C 1 min 50°C 1 min	Nies DH. 1992

Secuencia F: CAG GTC ACT GAC ACG ACC AT TM: 54°C Secuencia R: CAT GCT GAT GAG ATT GAT GAT C TM: 51°C	encargada de expulsar iones Cobre, Zinc y Cadmio	72°C 2 min 72°C 10 min 30 ciclos	
Tolerancia a As			
Gen: <i>arsB</i> Tamaño de amplicon: 219pb Secuencia F: CGG TGG TGT GGA ATA TTG TC TM: 59°C Secuencia R: GTC AGA ATA AGA GCC GCA CC TM: 59°C	Bomba de eflujo dependiente de ATP para expulsar las moléculas de Arsénico	95°C 10 min 93°C 1 min 59°C 1 min 72°C 2 min 72°C 10 min 30 ciclos	Saltikov y Olson, 2002
Tolerancia a Pb			
Gen: <i>pbrA</i> Tamaño de amplicon: 450pb Secuencia F: ATG AGC GAA TGT GGC TCG AAG TM: 54°C Secuencia R: TCA TCG ACG C AA CAG CCT CAA TM: 54°C	Síntesis de una enzima fosfatasa que ayuda a la conversión de algunos metales pesados a formas menos tóxicas	95°C 10 min 93°C 1 min 54°C 1 min 72°C 2 min 72°C 10 min 30 ciclos	Borremans et al., 2001

6.2.15. Identificación molecular de cepas multirresistentes

Para la identificación molecular de las cepas multirresistentes se seleccionaron solo aquellas cepas que presentaran resistencia fenotípica a 4 o más antibióticos. Para ello se hizo uso de los primers universales para la identificación del gen 16S ribosomal; 27F- 5' AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG 3' y 1492R- 5' TAC GGT TAC CTT GTT ACG ACT 3' IBTUniparts (México). Se describen las condiciones de corrida de PCR: Ciclo de pre-desnaturalización a 95 °C por 10 minutos, 30 ciclos de; desnaturalización a 95 °C por 1 minuto, alineamiento a 50 °C por 1 minuto y extensión a 72 °C por 1 minuto y medio, y un último lapso de extensión a 72 °C por 5 minutos (Liu et al., 2012). Posterior a esto, los productos de reacción fueron mandados a la empresa PSOMAGEN (Estados Unidos) para su purificación y secuenciación en ambos sentidos de la cadena de ADN.

6.2.16 Análisis bioinformático para la identificación de secuencias del gen 16S ribosomal

Para el análisis bioinformático de los datos de secuenciación, se analizaron los electroferogramas para descartar cualquier tipo de sesgo en la lectura. Los archivos FASTA fueron analizados por medio del programa Bioedit 7.0 (Hall, 1999), en el cual se ajustaron las secuencias y se hibridaron virtualmente para la generación de las secuencias consenso. Estas últimas fueron analizadas por medio del BLASTn con las secuencias de referencia de

la base de datos rRNA/ITS del NCBI, para comparar el nivel de similitud de secuencias con las bases de datos correspondientes. Seguido de esto, las secuencias fueron depositadas en la base de datos del GeneBank.

VII. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

7.1. Río Conchos.

7.1.1. Propiedades fisicoquímicas del agua

El río Conchos al ser la principal fuente de agua superficial del estado de Chihuahua, es aprovechado en diversos ámbitos, donde se destaca el uso de agua para consumo. Dada la importancia de su consumo en algunas regiones de su cuenca, resulta relevante la obtención de parámetros que permitan visualizar la calidad de su caudal. A partir de los resultados obtenidos en este monitoreo y de acuerdo con algunas normativas del contexto nacional como internacional, se compararon bajo los valores permisivos de la NOM-127, IS 2296:1992 y UNECE 1994 (Secretaría de Salud (SSA), 1994; Water Quality Standards in india, 1992; WHO, 2007). En la **Tabla 6** se comparan los valores fisicoquímicos obtenidos a través de las temporadas, zonas geográficas, sitios y puntos;

Tabla 6. Parámetros fisicoquímicos del agua superficial del río Conchos, a través de los muestreos.

Propiedades Fisicoquímicas								
Zona Geográfica	Régimen	Punto	pH	$\mu\text{S/cm}$	$\text{M}\Omega\text{-cm}$	ppm-TDS	PSU	PSI
Serrana	Pluvial	1	8.29	150	0.004	77	1.39	12.29
		2	7.92	215	0.0065	107	0.07	12.28
		3	7.61	203	0.0097	101	0.1	12.29
	Media Estacional	1	8.2	352	0.0049	176	0.1	12.28
		2	8.32	354	0.0028	177	0.17	12.286
		3	8.22	351	0.0028	176	0.17	12.281
	Estiaje	1	8.34	527	0.0019	263	0.25	12.531
		2	8.25	514	0.0019	257	0.25	12.531
		3	8.11	501	0.002	251	0.24	12.536
Meseta	Pluvial	1	8.1	1114	0.0009	563	0.56	12.32
		2	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a
		3	7.79	2485	0.0004	1248	1.3	12.32
	Media Estacional	1	8.43	987	0.001	499	0.49	12.32
		2	8.06	2013	0.0005	1009	1.04	12.31
		3	8.33	2093	0.0005	1045	1.08	12.309
	Estiaje	1	8.29	1114	0.0009	558	0.56	12.756
		2	8.17	2105	0.0005	1053	1.08	12.831
		3	8.24	2181	0.0005	1096	1.13	12.839
Desértica	Pluvial	1	8.3	1773	0.0005	886	0.9	12.308
		2	8.3	2288	0.0006	1144	1.18	12.3
		3	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a
	Media Estacional	1	8.3	2288	0.0006	1144	1.18	12.3
		2	8.26	2664	0.0004	1335	1.39	12.296
		3	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a
	Estiaje	1	8.1	3502	0.003	1753	1.85	13.3
		2	7.68	3419	0.0	1771	1.8	13.3
		3	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a

pH: Potencial Hidrógeno, $\mu\text{S/cm}$: Conductancia eléctrica, $\text{M}\Omega\text{-cm}$: Resistividad, ppm-TDS: Sólidos Totales Disueltos (Partes Por Millón), PSU: Unidades de Salinidad Practicas, PSI: presión, n/a: Sin Información.

El comportamiento del pH de las muestras de agua presentó valores dentro de lo permisible por las tres normas, que van desde 6 hasta 8.5, para consumo humano. Así mismo, la IS 2296:1992 también cataloga los valores obtenidos aptos para dispersión de vida marina (Secretaría de Salud (SSA), 1994; UNECE, 1994; Water Quality Standards in India, 1992). La OMS establece que no existe un valor significativo de pH para afectar la salud humana, dado por la comparación con otros alimentos de naturaleza ácida o alcalina (WHO, 2007). Aun así, resulta indispensable en la determinación de la calidad del agua debido a otros factores como contaminación asociados con la lluvia ácida mediada por la presencia de óxidos de nitrógeno y dióxidos de azufre (WHO, 2007). Además, también puede verse

asociado la presencia de derivados del uso excesivo de fertilizantes agrícolas como nitratos y fosfatos en las inmediaciones del ecosistema (WHO, 2007).

Otro de los factores normalmente evaluados es la conductividad eléctrica la cual usualmente se representa por $\mu\text{S}/\text{cm}$, relacionada con la presencia de contaminantes inorgánicos en forma ionizada (WHO, 2007). No se presenta un valor específico para la determinación de daños a la salud; sin embargo, la presencia de compuestos como sales inorgánicas pueden aumentar la conductividad del agua, alterando sus condiciones organolépticas, y su consumo a largo plazo puede traer consecuencias médicas incluyendo daño renal (Patil et al., 2012; Gupta et al., 2013). Asimismo, la IS 2296:1992 recomienda un valor máximo entre 1000 y 2250 $\mu\text{S}/\text{cm}$, tanto para una dinámica óptima de la vida marina, como para su uso de agua para irrigación de cultivos (WHO, 2007). Bajo esta perspectiva, algunos puntos muestreados en especial a partir de la zona de meseta en todas las temporadas a excepción de un punto, mostraron un comportamiento por encima de la normativa con valores superiores a 2000 $\mu\text{S}/\text{cm}$, contrario a lo reportado con anterioridad (Holgún, 2006). En ese estudio, los valores que se obtuvieron varían en el rango de entre 186 y 285 $\mu\text{S}/\text{cm}$ entre los meses de febrero y julio del 2004, en específico en la región de Ojinaga (denominada como zona desértica en este monitoreo). No obstante, en esta región los valores obtenidos en el presente proyecto varían en el rango de 1172 – 3502 $\mu\text{S}/\text{cm}$, aunque estos valores pueden deberse a algunos fenómenos como la evapotranspiración y la intrusión de agua salina obtenida para uso doméstico a partir de mantos acuíferos cada vez más profundos (Gupta et al., 2013). Resulta relevante considerar que en los 18 años en comparación con (Holgún, 2006) la población de Chihuahua aumentó aproximadamente 500 mil habitantes según datos del INEGI, pudiendo ser esta una de las potenciales determinantes de este incremento en este parámetro de conductividad (INEGI, 2020). Añadido a esto, en el mismo periodo de tiempo la población del estado con disponibilidad de agua entubada creció de 76.5% a 93.6, por lo cual se podría considerar un punto clave para entender este comportamiento con respecto a investigaciones anteriores, debido a un mayor uso de agua y por ende mayor generación de residuos.

Por otro lado, la presencia de los sólidos totales disueltos en este trabajo (ppm -TDS) superan lo permitido por la IS 2296:1992 (≥ 500 ppm), aunque estos valores no fueron tan elevados como los presentados por Holgún, 2006) donde sus valores se encontraban entre 1795 –

2732 ppmTDS, en comparación con los 77–1771 ppm-TDS. En este sentido las concentraciones pueden deberse a algún tipo de intrusión de aguas contaminadas, además de los desechos provenientes de todo el recorrido de la cuenca; al igual que la geoquímica presente en la zona y considerar teniendo en cuenta además la evapotranspiración que puede concentrar estos elementos (Zhang, 1995; Rahi y Halihan, 2010).

El último parámetro analizado fue el de la resistencia del agua expresado en MΩ-cm que presenta el nivel de resistividad del agua. Este refleja la presencia y cantidad de elementos que resisten la conductividad, por lo tanto, una buena resistividad del agua se relaciona con agua pura. Un valor bajo de MΩ-cm (<1 MΩ-cm), puede relacionarse con la presencia de elementos como el Mercurio o el Plomo, que pueden alterar esta característica. Además, la resistividad también se relaciona con altos niveles de materia orgánica como materia fecal o desechos vegetales, así como la presencia de solventes orgánicos, aceites y grasas (Oluyemi et al., 2011; Verma et al., 2018).

7.1.2. Indicadores Fecales, bacterias patógenas y perfil de multirresistencia en el río Conchos

Para la determinación de indicadores fecales en los sedimentos del río Conchos, se aislaron 3 cepas con perfil de multirresistencia a antibióticos Tet-Cef-Cip, Amp-Van-Cef, Amp-Van-Cef-Tet. Dos cepas se aislaron de la zona serrana en los regímenes de media estacional, y estiaje, mientras que la otra cepa fue aislada en la zona de meseta en la temporada de estiaje. En cuanto a las bacterias patógenas, sólo se aisló una cepa *Aeromonas* spp. que presentó resistencia a todos los antibióticos probados (Amp-Van-Cef-Tet-Cip). Cabe destacar que en todos los casos tanto indicadores fecales como *Aeromonas* spp. fueron aisladas en las muestras más superficiales (5 cm) (Tablas 7 y 8).

Tabla 7. Indicadores fecales aislados la cuenca del Río Conchos.

Zona Geográfica	Punto	Profundidad	Régimen	Indicador	LOG10 UFC/g	Perfil de Multirresistencia
Sierra	1	5 cm	Media estacional	<i>E. coli</i>	2.52	Tet/Cef/Cip
Sierra	2	5 cm	Estiaje	<i>Enterococcus</i> spp.	4.014	Amp/Van/Cef
Meseta	2	5 cm	Estiaje	<i>E. coli</i>	2.52	Amp/Van/Cef/Tet

amp/ ampicilina, **van/** vancomicina, **cef/** cefotaxima, **tet/** tetraciclina, **cip/** ciprofloxacino

Tabla 8. Cepa de *Aeromonas* spp. aislada del río Conchos y sus características correspondientes.

Zona Geográfica	Punto	Profundidad	Régimen	Género	Perfil de Multirresistencia
Meseta	3	5 cm	Media Estacional	<i>Aeromonas</i> spp.	Amp/Van/Cef/Tet/Cip

amp/ ampicilina, **van/** vancomicina, **cef/** cefotaxima, **tet/** tetraciclina, **cip/** ciprofloxacino

El estado de Chihuahua se caracteriza por ser un estado agricultor y ganadero, con una fuerte influencia por el recurso hídrico obtenido del río Conchos. En este sentido, podemos considerar que estas prácticas cercanas al Río Conchos aunado a la temporada pueden haber influido en la detección de 2 indicadores fecales, puesto que la temporada donde se aislaron coincide con el inicio de la temporada de siembra primavera/verano. Además de mencionar que a lo largo de toda la cuenca del río Conchos se practican actividades agropecuarias (GECH., 2019). Durante un estudio en que evaluaron diferentes estaciones a lo largo de mayo y octubre, a través de 5 años, encontraron que, en los distritos de agricultura, fue donde mayor incidencia de indicadores fecales se presentó en las muestras de un río analizado en Canadá (Sinclair et al., 2009). Resultados similares presentados por Sibanda et al., 2013, donde entraron la mayor incidencia de coliformes fecales durante primavera, en la temporada de agrícola, en los dos sitios de estudio que trabajaron, presentaron encima de las 20, 000 UFC/100 mL del agua de río analizado. Por otra parte, también existen reportes en los que se demuestran resultados diferentes, ya que, en las temporadas de alto flujo de agua en la cuenca, es decir, en la temporada de lluvia es cuando mayor presencia de indicadores fecales se presentan en agua de los ríos. Esto puede verse influenciado por la dinámica del río, debido a que cuando la cuenca crece es más probable que algunos contaminantes de sedimento se resuspendan, sobre todo en relación al sedimento superficial (Crowther et al., 2002; Kostyla et al., 2015; Nguyen et al., 2016).

La presencia de indicadores fecales en agua superficial de un ecosistema como un río tiene implicaciones directas con el comportamiento de su sedimento y viceversa. Al ser un reservorio natural de los componentes del río, el sedimento se ve expuesto a innumerables elementos que pueden almacenarse en este (Water Science School, 2018; Wohl y Merritts, 2007).

Por otro lado, en este estudio se logró identificar la presencia de una cepa de *Aeromonas* spp., la cual presentó un perfil de multirresistencia (Amp/Van/Cef/Tet/Cip) en la zona de Meseta, durante el régimen media estacional a una profundidad de 5 cm (**Tabla 7**). La presencia de *Aeromonas* spp. ha sido demostrada en ríos de agua dulce en regiones próximas al estado de Chihuahua, como en los estados de Texas y en Nuevo México en Estados Unidos, donde se logró aislar e identificar diversas especies de *Aeromonas* spp. en muestras de sedimento superficial a través del empleo de diferentes fuentes de carbono y técnicas moleculares. Además, las cepas reportadas presentaban perfiles de resistencia tanto a antibióticos como a metales pesados como As y Hg, siendo aisladas en los meses de marzo y Julio, parecidos a la temporada de estiaje y media estacional empleadas en esta investigación (Huddleston et al., 2006).

7.1.3. Metales pesados y metaloides en sedimentos del rio Conchos.

La determinación de metales pesados y metaloides en muestras de sedimento se llevó a cabo mediante la tecnología de fluorescencia de rayos x, por lo cual, el equipo usado permitió obtener valores en partes por millón en muestras secas, es decir, miligramos de elemento por kilogramo de muestra (**Tablas 9-11**).

Tabla 9. Concentraciones de metales pesados correspondiente a la zona serrana.

Régimen	Punto	Profundidad	As	Cr	Cu	Ni	Pb	Zn	Hg
Pluvial	1	5	n/a	0.04±0.01	0.104±0.001	0.014±0.000 5	0.101±0.000 5	0.185±0.001	n/a
	1	10	0.062±0.001	0.135±0	0.093±0.001	0.183±0.239	0±0.0	0.468±0.001	0.304±0.000 5
	2	5	0.002±0.000 5	0.003±0.000 5	0.088±0.001 1	0.025±0.009	0.213±0.033	0.296±0.079	n/a
	2	10	n/a	0.051±0.000 9	0.084±0.001	0.02±0.125	0.122±0.001	0.22±0.001	n/a
	3	5	0.006±0.02	0.125±0.02	0.057±0.01	0.037±0.009	0.228±0.003	0.349±0.07	n/a
	3	10	n/a	0.029±0.000 9	0.083±0.001	0.095±0.125	0.003±0.001	0.213±0.001	n/a
Media Estaciona l	1	5	n/a	0.04±0	0.083±0	0.011±0.001	0.103±0.003	0.169±0.003	n/a
	1	10	n/a	0.005±0.005	0.151±0.001	0.012±0.005	0.106±0.001	0.132±0.001	n/a
	2	5	n/a	0.086±0.001	0.080±0	0.03±0.0005	0.18±0.001	0.288±0.001	n/a
	2	10	n/a	0.019±0.000 5	0.031±0.001	0.005±0.000 5	0.071±0.001	0.095±0.001	n/a
	3	5	n/a	0.033±0.001	0.056±0	0.014±0.000 5	0.102±0.001	0.157±0.001	0.003±0.001
	3	10	n/a	0.034±0.000 5	0.046±0.001	0.019±0.000 5	0.093±0.001	0.171±0.001	n/a
Estiaje	1	5	0.039±0	0.235±0.001	0.044±0.001	0.035±0.000 5	0.384±0.001	0.424±0.001	n/a
	1	10	0.013±0	0.100±0	0.048±0.002	0.023±0.001	0.193±0.001	0.250±0.000 5	0.001±
	2	5	0.190±0	0.14±0.0005	0.029±0.001	0.016±0.003	0.26±0.0005	0.265±0.001 1	n/a
	2	10	0.080±0.002	0.158±0.001 3	0.040±0.005	0.024±0.005	0.279±0.001	0.313±0.000 5	0.0003±0
	3	5	0.041±0.001 5	0.074±0.000 5	0.037±0.000 5	0.022±0.001	0.17±0.001	0.21±0.001	n/a
	3	10	0.104±0.001	0.124±0.001	0.035±0.000 5	0.020±0.000 5	0.236±0.001	0.262±0.001	0.0001±0
Valores limite permisivos (ppm)									
TEL			5.9	37.3	35.7	18	35	123	0.174
ERL			33	80	70	30	35	120	0.15
LEL			6	26	16	16	31	120	0.2

Tabla 10. Concentraciones de metales pesados correspondiente a la zona de meseta

	Punto	Profundidad	As	Cr	Cu	Ni	Pb	Zn	Hg
Pluvial	1	5	n/a	0.098±0.001	0.021±0.018	0.023±0.001	0.223±0.001	0.274±0.001	n/a
	1	10	n/a	0.072±0.001	0.032±0.001	0.017±0.001	0.186±0.001	0.213±0.001	0.006±0
	2	5	0.007±0.012	0.11±0.001	0.037±0.001	0.029±0.001	0.314±0.001	0.513±0.001	n/a
	2	10	0.0253±0	0.286±0.001	0.03±0.001	0.020±0.001	0.261±0.001	0.286±0.001	n/a
	3	5	0.014±0.001	0.206±0.02	0.042±0.001	0.035±0.001	0.317±0.001	0.66±0.001	0.006±0.0001
	3	10	0.011±0	0.178±0.0005	0.045±0.0005	0.036±0.0005	0.263±0.0005	0.586±0.0005	n/a0.005
Media Estacional	1	5	n/a	0.04±0.001	0.083±0.001	0.011±0.001	0.105±0.001	0.169±0.001	n/a
	1	10	n/	0.005±0.001	0.151±0.0001	0.009±0.001	0.105±0.0001	0.132±0.001	n/a
	2	5	n/a0	0.0875±0.001	0.080±0.0001	0.03±0.001	0.18±0.001	0.2895±0.001	n/a
	2	10	0.014±0.001	0.019±0.001	0.031±0.0001	0.009±0.0001	0.072±0.0001	0.095±0.0001	n/a
	3	5	n/a	0.033±0.001	0.055±0.001	0.013±0.001	0.102±0.001	0.158±0.01	0.002±0
	3	10	0.033±0.001	0.034±0.001	0.046±0.001	0.019±0.001	0.094±0.001	0.17±0.001	n/a
Estiaje	1	5	0.025±0	0.124±0.001	0.057±0.001	0.035±0.001	0.403±0.001	0.496±0.001	0.001±
	1	10	0.022±0	0.325±0.001	0.063±0.001	0.054±0.001	0.367±0.001	0.427±0.001	n/a0
	2	5	n/a	0.127±0.001	0.0324±0.0001	0.024±0.00001	0.269±0.001	0.36±0.001	n/a
	2	10	0.014±0	0.53±0.001	0.052±0.001	0.202±0.001	0.288±0.001	0.477±0.001	n/a
	3	5	0.061±0	0.128±0.005	0.093±0.005	0.053±0.005	0.316±0.005	0.54±0.005	n/a
	3	10	0.039±0.001	0.183±0.001	0.052±0.001	0.023±0.001	0.362±0.001	0.408±0.001	n/a
Valores limite permisivos (ppm)									
	TEL		5.9	37.3	35.7	18	35	123	0.174
	ERL		33	80	70	30	35	120	0.15
	LEL		6	26	16	16	31	120	0.2

Tabla 11. Concentraciones de metales pesados correspondiente a la zona desértica

Valores limite permisivos (ppm)								
	Punto	Profundidad	As	Cr	Cu	Ni	Pb	
Pluvial	1	5	n/a	0.086±0.001	0.036±0.001	0.034±0.001	0.274±0.001	0.4
	1	10	n/a0.001	0.065±0.001	0.029±0.0001	0.02±0.001	0.141±0.001	0.23
	2	5	n/a0	0.074±0.001	0.041±0.0001	0.057±0.001	0.116±0.001	0.19
	2	10	n/a	0.096±0.001	0.027±0.001	0.03±0.0001	0.167±0.001	0.31
	3	5	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	
	3	10	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	
Media Estacional	1	5	0±0	0.078±0.001	0.032±0.001	0.035±0.001	0.141±0.001	0.24
	1	10	n/a	0.062±0	0.066±0.001	0.029±0.001	0.092±0.001	0.2
	2	5	n/a	0.338±0	0.194±0.001	0.13±0.001	0.238±0.001	0.55
	2	10	n/a0	0.046±0.001	0.087±0.001	0.019±0.001	0.112±0.001	0.17
	3	5	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	
	3	10	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	
Estiaje	1	5	n/a0	0.378±0.001	0.116±0.001	0.13±0.001	0.314±0.001	0.6
	1	10	0.077±0.001	0.427±0.001	0.145±0.001	0.151±0.001	0.236±0.001	0.6
	2	5	n/a	0.178±0.001	0.069±0.001	0.053±0.001	0.273±0.001	0.48
	2	10	n/a	0.118±0.001	0.043±0.001	0.034±0.001	0.204±0.001	0.2
	3	5	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	
	3	10	n/a	n/a	n/a	n/a	n/a	
Valores limite permisivos (ppm)								
TEL			5.9	37.3	35.7	18	35	
ERL			33	80	70	30	35	
LEL			6	26	16	16	31	

La determinación arrojó concentraciones por debajo de los límites permisibles por la EPA para clasificarse como un peligro ecológico. Los valores se encuentran por debajo de los considerados como tóxicos, por el Nivel de Efecto Umbral por sus siglas en inglés (TEL) (Smith et al., 1996). Del mismo modo y con una definición similar encontramos al Rango Efectivo Bajo (ERL) que se basa en una concentración química mínima determinante para observar pocos o escasos efectos tóxico-biológicos a partir de contaminación de elementos como metales pesados y metaloides en sedimentos de agua dulce (Long y Morgan, 1991). Así como el límite mínimo para considerar el ecosistema limpio o escasamente contaminado (LEL) (Persaud y Jaagumagi, 1993). Bajo esta perspectiva, fueron pocas muestras en las cuales se obtuvo evidencia que las concentraciones superaran los límites propuestos. Tal fue

el caso del Mercurio (Hg), que superó los tres límites antes expuestos; LEL, TEL y ERL en la zona serrana bajo el régimen pluvial en el punto antes del establecimiento humano y a una profundidad de 10 cm, (0.304±0.0005 ppm/Hg). Bajo el mismo sentido, otro punto que superó los límites permitidos fue el punto 1 de la zona desértica en la temporada de estiaje a una profundidad de 10 cm con un valor de 0.021±0.001 ppm/Hg.

En ningún otro punto de la misma zona ni bajo otro régimen pluvial se encontraron valores similares; incluso, en muchos de ellos no fue detectado este elemento, por lo cual, podría tratarse de una actividad contaminante específica (Martin y Meybeck, 1979; Zhang et al., 2016). Existen algunas actividades que se relacionan estrechamente con la presencia de mercurio, uno de ellos es el uso de fertilizantes, en donde la contaminación puede originarse de la materia prima para su preparación (Forstner y Wittman, 1982). A su vez, existen otras posibles fuentes de contaminación directa como la práctica de minería artesanal o pequeña escala en ríos, y es que en este proceso el uso del mercurio es indispensable para la formación de amalgamas con oro, y en algunos casos el mercurio es vertido al ambiente, generando un foco de contaminación (Schudel et al., 2018). Aunado a esto, la presencia de mercurio en sedimentos acuáticos está comúnmente relacionada con la textura del sedimento, ya que se puede acumular más fácilmente en arcilla o granos finos, debido a la gran reactividad del mercurio de formar partículas, incluso en aguas dulces y más aún si se encuentra en una forma no particulada (Benoit et al., 1998; Lawson et al., 2001). A partir de los datos obtenidos, se puede sugerir el orden de movilidad de los metales pesados en los sedimentos obtenidos del río Conchos, según lo presentado en la **Tabla 12**.

Tabla 12. Movilidad general de los metales pesados a través de las zonas geográficas y regímenes pluviales.

Zona Geográfica	Régimen Pluvial	Orden de movilidad general
Zona Serrana	Pluvial	<i>Zn>Pb>Cu>Cr>Hg>Ni>As</i>
	Media Estacional	<i>Zn>Pb>Cu>Cr>Ni>Hg>As</i>
	Estiaje	<i>Zn>Pb>Cr>Cu>As>Ni>Hg</i>
Zona de Meseta	Pluvial	<i>Zn>Pb>Cr>Cu>Ni>As>Hg</i>
	Media Estacional	<i>Zn>Pb>Cu>Cr>Ni>Hg>As</i>
	Estiaje	<i>Zn>Pb>Cr>Ni>Cu>As>Hg</i>
Zona Desértica	Pluvial	<i>Zn>Pb>Cr>Ni>Cu>Hg>As</i>
	Media Estacional	<i>Zn>Pb>Cr>Cu>Ni>Hg>As</i>
	Estiaje	<i>Zn>Cr>Pb>Cu>Ni>As>Hg</i>

En el año del 2003 se realizó una determinación de concentración de metales pesados y metaloides, en agua y sedimentos del Río Bravo en la zona de Ciudad Juárez/El Paso, donde reportaron valores significativamente altos (Zinc y Plomo por encima de 105 y 70 mg/L en agua, y Cobre 35 mg/L en sedimentos) (Rios-Arana et al., 2004). Sin embargo, estos valores presentaron un orden de movilidad similar a los encontrados en este trabajo independientemente de la concentración, ya que en la mayoría de sus puntos se reportaron valores de Zn por encima de los demás metales pesados, seguido de una variante de entre Cu y Cr, Ni y por último As. Cabe destacar que la concentración de Mercurio no fue analizada (Rios-Arana et al., 2004). Si bien en este artículo se analizan lugares con un grado de estrés antrópico a lo largo del Río Bravo por su paso entre las ciudades de El Paso y Ciudad Juárez, los resultados de este trabajo pueden ser comparables con el río Conchos, sobre todo en la zona desértica. Además de resaltar que el Conchos es el principal afluente del Río Bravo. En el mismo trabajo (Rios-Arana et al., 2004), se aprecia que el río presenta características de contaminación sólo en las zonas afectadas, ya que no se pudo apreciar el mismo comportamiento cuenca abajo. Algo similar a la dinámica que se observó en el río Conchos con los indicadores fecales. Esto propone una baja movilidad de los elementos a través de la corriente debido a un flujo de corriente insuficiente para acarrear algunos elementos, sobre todo en épocas de estiaje (MacDonald et al., 2000; Rios-Arana et al., 2004).

Desde la geología, existen parámetros que permiten valorar los grados de contaminación en un ecosistema, a partir del desarrollo de índices. Uno de ellos es el Índice de Geoacumulación (iGeo) que indica el grado de perturbación de un ecosistema a partir de características físico-geológicas y geomorfológicas, que puede aplicarse en ámbitos de monitoreo ambiental, ya sea con o sin daño antrópico. El índice permite evaluar el grado de acumulación o contaminación del ecosistema con base en determinaciones de metales pesados, metaloides y otros elementos (Muller, 1969). Por otro lado, el Factor de Enriquecimiento o EF, proporciona el nivel de enriquecimiento de un elemento en un sitio determinado, y se utiliza por lo general en lugares donde se estima un impacto antropogénico evidente (Mmolawa et al., 2011; Sinex y Helz, 1981). Sin embargo, es importante recalcar que tanto en iGeo o EF es necesario utilizar valores de referencia específicos como constante. Sin embargo, para el presente trabajo no se encontraron valores adecuados para su aplicación en estas determinaciones (Martin y Meybeck, 1979).

7.2. Manglares árido tropicales.

7.2.1. Indicadores fecales en sedimentos

A partir de los sedimentos obtenidos en cada uno de los sitios de los manglares de Baja California Sur, se lograron aislar 2 cepas de *Enterococcus* spp. En la **Tabla 13** se muestra el sitio, punto y profundidad, además del perfil de resistencia fenotípico a antibióticos.

Tabla 13. Indicadores fecales aislados de los manglares árido tropicales

Sitio	Punto	Profundidad	Microorganismo	LOG10 UFC/g	Perfil de Multirresistencia
Banderitas	B7	30 cm	<i>Enterococcus</i> spp.	4.014	Amp/Van/Cef
Cola de Ballena	CB4	30 cm	<i>Enterococcus</i> spp.	2.52	Amp/Van/ Cef/Tet

Amp= Ampicilina, Van = Vancomicina, Cef=Cefotaxima, Tet= Tetraciclina

En específico, fueron 2 puntos localizados en los sitios de Banderitas y Cola de Ballena en donde se lograron aislar indicadores fecales a una profundidad de 30 cm. Estos sitios presentan fuentes probables y apreciables de contaminación; por un lado, el sitio de Banderitas se encuentra cercano a un pequeño asentamiento humano. En él se observó un grupo pequeño de animales de granja durante el muestreo, en un lugar cercano a donde se aisló una cepa de *Enterococcus* spp. El punto del sitio de Cola de Ballena, está localizado cerca de la zona de descarga de una planta de tratamiento de aguas residuales. Estos resultados contrastan con lo presentado por otros trabajos del grupo de investigación en sitios similares, ya que en sus resultados se encontraron cepas de *Enterococcus* spp. en prácticamente todas sus muestras analizadas (Flores-Magallanes, 2022; Rodríguez-Rodríguez, 2022; Zapíen-Chavarría, 2021).

De acuerdo con lo anterior, es importante comentar que en ninguno de los estudios se determinó la presencia de *E. coli*, lo que podría deberse a las condiciones extremas que presenta el ecosistema *per se*, entre ellas el grado de salinidad; aun cuando se ha reportado halotolerancia adquirida en cepas de *E. coli* (Ghoul et al., 1989; Kushner, 1968; Lanyi, 1974; Yamada et al., 2002). Como segundo enfoque se destaca la presencia de cepas aisladas de

Enterococcus spp., ya que en trabajos previos se aislaron cepas de este género en mayor abundancia al presente estudio. En este caso, solo se aislaron dos cepas, ambas con un perfil de multirresistencia a antibióticos (Magiorakos et al., 2012).

Las bacterias del género *Enterococcus* spp., cuentan con una serie de características como la presencia de transportadores de electrones en su membrana celular, síntesis de osmolitos y una capacidad de resistencia al estrés oxidativo. Estas características le permiten sobrevivir y proliferar en ambientes con salinidad tan alta como del 6.5% de NaCl, lo que podría auxiliar en sobrevivencia en ecosistemas marinos como los manglares (Cercenado, 2011; Flahaut et al., 1997; Seck et al., 2018).

En relación con la obtención de las muestras para el presente trabajo, a diferencia de muestreos previos, el sedimento fue asociado a manglar. Es decir, la muestra fue obtenida en las raíces secundarias de la planta. Por ello, existen condiciones diferentes que pueden explicar la diferencia en resultados. En primer lugar, al ser una muestra con restos de raíces secundarias, algunos microorganismos presentan dificultades para establecerse en estos sitios (Xu et al., 2014). Algunas especies de manglar como *Avicenia* spp., han demostrado que cuentan con la capacidad de producir antibióticos y se ha demostrado la síntesis de productos bioactivos con un amplio espectro de acción contra bacterias potencialmente virulentas con perfil de multirresistencia a antibióticos comerciales (Lalitha et al., 2021; Lim et al., 2006; Vadlapudi y Chandrasekhar Naidu, 2009).

Añadido a lo anterior, un factor importante lo constituye las comunidades microbianas de la rizósfera de los manglares. Los manglares son ecosistemas con condiciones extremas, por lo que pueden formarse microambientes con las condiciones necesarias para el crecimiento de aquellos microorganismos benéficos para las plantas, o que los propios microorganismos dependientes de la exudación de las raíces de la planta, produzcan un ambiente selectivo (Badri y Vivanco 2009). Una de estas medidas es la síntesis de compuestos bioactivos con propiedades antibióticas por parte de microorganismos que se asocia a la competencia por los nutrientes, mediando las interacciones con la rizosfera intercalando diversas condiciones del ambiente bajo las propiedades que presentan los manglares (Retnowati et al., 2017).

Los acetomicetos son un ejemplo de bacterias asociadas a rizosfera que cuentan con la capacidad de generar compuestos bioactivos con propiedades antibióticas (Genilloud, 2017;

Xu et al., 2014). Es tal la importancia y el reconocimiento de la síntesis de compuestos bioactivos de este grupo de bacterias, que gran parte de los antibióticos comerciales actuales provienen de ellos (Khanna et al., 2011). A su vez, se ha demostrado que en los manglares existen ricas comunidades de acetomicetos, incluso si se trata de la zona radicular, ya que se han encontrado grandes densidades de este grupo de bacterias, en las raíces de los manglares. Estos factores podrían explicar la baja tasa de aislamiento de los *Enterococcus* spp. en este proyecto (Badri y Vivanco 2009).

7.2.2. Bacterias patógenas en sedimentos de manglar

La determinación de bacterias patógenas comenzó inicialmente con el objetivo de poder aislar 3 géneros de bacterias distintos; *Salmonella* spp., *Vibrio* spp. y *Aeromonas* spp. En el primer caso, los resultados fueron negativos dado que en ninguna zona se logró aislar a bacterias de este género. Las bacterias del género *Salmonella* spp. pueden ser acarreadas en el intestino de los seres humanos de manera asintomática. Por ello, y debido a la dificultad de aislamiento de *Salmonella* spp. se opta por la identificación de indicadores fecales, aprovechando la relación del nicho que presentan estos microorganismos (Van Asten y Van Dijk, 2005). En el caso específico de las muestras de sedimento de manglar, no se logró identificar alguna cepa de *Salmonella* spp., mediante los métodos empleados. No obstante, resulta complicado determinar si esta especie no se logró aislar por su ausencia o por la dificultad que presenta la técnica de aislamiento utilizada. Existen algunas investigaciones en que se retoma la capacidad de bacterias del género *Salmonella* spp. de resistir altas concentraciones de sal en presencia de materia orgánica, mediante el almacenamiento de moléculas como osmorreguladores (Pommepuy et al., 1992). Otras condiciones presentes en el manglar, como el pH, el dinamismo del ecosistema, o la competencia por los nutrientes, pueden explicar el resultado obtenido en el presente trabajo (Khanna et al., 2011).

La búsqueda de *Vibrio* spp., tampoco dio resultados positivos en el presente trabajo de investigación, aun cuando las especies de *Vibrio* spp. tienden a abundar en ecosistemas marinos. Sin embargo, la microbiota asociada a la rizósfera del manglar, podría relacionarse con la ausencia de estas especies, por competencia o la producción de compuestos inhibitorios (Badri y Vivanco 2009; Retnowati et al., 2017). En relación con *Aeromonas* spp., su nicho natural son los ecosistemas acuáticos, tanto ecosistemas marinos como

dulceacuícolas; presentan una gran distribución tanto en columnas de agua, sedimentos acuáticos, o bien, utilizando como reservorio a animales marinos como peces, moluscos, crustáceos (Janda y Abbott, 2010). Por lo tanto, resulta posible la adquisición de infecciones en el ser humano por el consumo de este tipo de animales, ya sea obtenida desde un cuerpo de agua natural o criados en tanques de acuicultura (Huddleston et al., 2006; Joseph et al., 2013; King et al., 1992). Sumado a esto, un perfil de resistencia a fármacos en alguna de las cepas de *Aeromonas* spp. presentaría complicaciones en contextos clínicos y veterinarios, al ser cepas capaces de infectar animales como peces, reptiles y anfibios (Huddleston et al., 2006). En el presente trabajo se lograron aislar cepas de *Aeromonas* spp. en todos los sitios de muestreo, aunque no en todas lo zonas (**Tabla 14**).

Tabla 14. Determinación de *Aeromonas* spp. positivas por zonificación

Sitio	Zona	Puntos	Perfil de resistencia a Antibióticos
Termoeléctrica	2	TE6, TE7, TE8 y TE9, TE10, TE11 y TE12	Amp-Van-Tet-Cef
Banderitas	2	B1, B2, B3, B4, B5 y B6 B7, B8 y B9	Amp-Van-Tet-Cef
Estero Zacatecas	1	E10, E11 y E12	Amp -Van
Cola de Ballena	1	CB1, CB2 y CB3	Amp/Cef/Van
	2	CB4, CB5 y CB6	Amp/Cef /Cipro /Van

Amp= ampicilina, Van = vancomicina, Cef =cefotaxima, Tet= tetraciclina, Cipro= ciprofloxacino

En primer lugar, en el sitio de termoeléctrica se logró aislar una cepa de *Aeromonas* spp., con un perfil de multirresistencia (Amp, Van, Tet y Cef) en la zona 2. Asimismo, en el sitio de Banderitas, se determinó la presencia de esta bacteria en la zona 2, que es una zona con un pequeño asentamiento humano alrededor, en donde se logró apreciar un grupo pequeño de animales de granja y redes de pesca. Para este caso, el perfil de resistencia a antibióticos fue ampicilina, vancomicina, tetraciclina y cefotaxima. De la misma manera, en la zona de bahía de La Paz en el sitio de Estero Zacatecas en la zona 1, se aisló una cepa con resistencia a dos antibióticos (ampicilina y vancomicina). En último lugar, en el manglar Cola de Ballena, se detectó la presencia de esta bacteria con los siguientes perfiles de multirresistencia (Amp-Cef-Van) y (Amp-Cef-Cip-Van).

En el caso de las cepas de *Aeromonas* spp. se ha documentado que cuentan con un conjunto de mecanismos de supervivencia bajo condiciones de estrés, como situaciones de falta de nutrientes, altas temperaturas, cambios de pH entre otras (Huddleston et al., 2006). Algunas de estas características adaptativas van desde la síntesis de proteínas universales (Mansour et al., 2016), uso de factores de transcripción alternativos (Kazmierczak et al., 2005; Osterberg et al., 2011), regulación de homeostasis mediado por chaperonas (Valdez-Cruz et al., 2010), la acumulación de nutrientes mediante vías de señalización o bien la capacidad de promover la lisis celular de bacterias colindantes para aprovechar los nutrientes remanentes, y perdurar más en el medio (Nagamitsu et al., 2013).

Por otro lado, cinco de las seis cepas aisladas presentaron un perfil de multirresistencia, ya que algunas cepas de este género cuentan con resistencia a algunos grupos de antibióticos como los β -lactámicos de manera intrínseca (Janda y Abbott, 2010). Algunas especies como *A. media* y *A. caviae*, e incluso *A. hydrophila* poseen resistencia intrínseca a ampicilina, guiada en gran parte por la expresión constitutiva de β -lactamasas mediada por el gen *AmpC*; además, de una baja permeabilidad de sus membranas celulares, incluso esta cualidad es empleada para términos de aislamiento selectivo (Bello-López et al., 2019; Palumbo et al., 1985).

La resistencia a grupos de antibióticos como las tetraciclinas, que son mediadas por algunos genes como el gen *tetA*, está en constante aumento debido a la presión selectiva en aquellos sitios donde este grupo antibiótico es usado ampliamente, así como también, en el contexto veterinario en los estanques de acuicultura (Gao et al., 2012). Del mismo modo, se ha observado la presencia de resistencia fenotípica al grupo de las quinolonas mediada por la presencia de los genes *qnr* en cuerpos de agua potable y desecho de plantas de tratamiento de aguas residuales (Figueira et al., 2011). En cuanto al grupo de las cefalosporinas, se pudo reportar susceptibilidad en un número significativo de aislados, ya que cinco de los seis aislados de este trabajo presentaron resistencia fenotípica a cefotaxima, destacando que este antibiótico no es comúnmente recetado para infecciones leves, pero se resguarda para casos clínicos nosocomiales (Felisart et al., 1985). Así mismo, se ha reportado resistencia al grupo de los glucopéptidos por parte de algunas cepas de *Aeromonas* spp., en específico a la vancomicina en aislados provenientes de manglares y estanques de acuicultura. Se propone

que la resistencia es mediada por el gen *vanA*, y a menudo se relaciona con la dispersión de *E. faecium*, *E. coli* y *Pseudomonas* spp., resistentes a vancomicina, por lo cual, una posible contaminación por agentes no propios del ecosistema resulta factible (Joseph et al., 2013; Witte, 2000).

En relación con lo anterior, resulta factible conocer aquellas características que propician la diseminación de resistencia a antibióticos en bacterias de este género, sobre todo de una manera adquirida.

7.2.3. Bacterias multirresistentes en manglares

La persistencia y diseminación de resistencia a antibióticos a nivel mundial es considerada como una de las mayores amenazas a la salud pública actual y con proyección a futuro. En esta investigación se lograron aislar 112 cepas de bacterias multirresistentes a lo largo de los 4 sitios muestreados. El manglar Cola de Ballena fue el sitio con el mayor número de aislados (83), seguido de manglar Termoeléctrica con 24 aislados, manglar Banderitas con 5 y manglar Estero Zacatecas con solo un aislado con perfil fenotípico de multirresistencia. En primera instancia, el nivel de perturbación observado en los muestreos en Manglar Cola de Ballena y Termoeléctrica presentó características de deterioro tanto en vegetación como en sedimentos no apreciados en los demás sitios. Fueron precisamente estos los sitios con la mayor cantidad de aislados multirresistentes, por lo que, de manera parcial, permite considerar una posible relación con estos resultados y el impacto antrópico observado en estos sitios, sobre todo por la presión selectiva a la que se ven expuesta la microbiota de ambos sitios. El número de cepas aisladas por sitio y su morfología microscópica se detalla en las **Tablas 15 y 16**.

Tabla 15. Numero de asilados multirresistentes por sitio

Profundidad (cm)	No. De cepas aisladas				Total
	Termoeléctrica	Banderitas	Estero Zacatecas	Cola de Ballena	
15	12	4	1	46	63
30	12	1	0	38	51
Total	24	5	1	84	114

Tabla 16. Morfología microscópica de los aislados resistentes por sitio.

Sitio	Tipo de morfología microscopia				Total
	Bacillos Gram +	Bacillos Gram -	Cocos Gram +	Cocos Gram -	
<i>Termoeléctrica</i>	19	3	1	1	24
<i>Banderitas</i>	3	1	0	1	5
<i>Estero Zacatecas</i>	1	0	0	0	1
<i>Cola de Ballena</i>	69	14	1	1	84

En cuanto a los resultados generales por sitio, se observaron diferentes patrones a lo largo de los sitios y de acuerdo al número de aislados y su expresión fenotípica de resistencia a cada antibiótico se presentaron los siguientes órdenes; Termoeléctrica; clo > cef > amp > kan > van > tet, > cip > van > tet; mientras que el sitio de Estero Zacatecas, solo se obtuvo un aislado (amp > cef > cip), y de manera global el orden fue el siguiente; cef > amp > clo > kan > cip > van > tet (**Tabla 17**).

Tabla 17.Perfiles de multirresistencia más comunes por sitio.

No. De antibióticos	Perfil fenotípico	Sitios				Total	
		<i>Termoeléctrica</i>	<i>Banderitas</i>	<i>Estero Zacatecas</i>	<i>Cola De Ballena</i>		
6	A, K, V, Cl, Ce, C	0	0	0	4	4	
	A, K, Cl, Ce, T, C	0	0	0	3	3	
5	A, K, V, Cl, Ce	0	0	0	3	3	
	A, K, Ce, T, C	0	0	0	3	3	
	A, V, Cl, Ce, T	0	0	0	2	2	
	A, K, Cl, Ce, T	0	0	0	2	2	
	A, K, Cl, Ce, C	0	0	0	3	3	
	A, K, Cl, Ce, C	1	0	0	1	2	
4	A, K, Ce, C	0	0	0	7	7	
	A, Ce, T, C	0	0	0	4	4	
	A, K, V, Ce	0	0	0	1	1	
	A, K, Ce, T	0	0	0	4	4	
	V, Cl, Ce, T	0	0	0	1	1	
	A, Cl, Ce, T	0	0	0	1	1	
	A, Cl, Ce, T	0	0	0	4	4	
	A, Ce, T, C	0	0	0	2	2	
	A, V, Cl, C	0	0	0	1	1	
	A, V, Cl, Ce	0	0	0	3	3	
	A, Cl, Ce, C	0	0	0	3	3	
	A, K, Cl, Ce	5	0	0	0	5	
	3	A, Ce, C	0	0	1	8	8
		A, V, Ce	1	0	0	4	5
K, V, Ce		0	0	0	2	2	
A, K, Ce		1	0	0	5	6	
A, Cl, Ce		5	3	0	2	10	
A, Ce, T		0	0	0	4	4	
A, Cl, T		0	0	0	1	1	
Cl, Ce, C		2	0	0	1	3	
K, Cl, Ce		7	0	0	1	8	
K, Ce, C		0	0	0	1	1	
Cl, Ce, T		0	0	0	1	1	
K, Ce, T		0	0	0	1	1	
A, K, Cl		3	0	0	1	4	
K, V, T		0	0	0	1	1	
K, Cl, T		0	1	0	0	1	
A, K, T		0	1	0	0	1	

A: ampicilina, Ce: cefotaxima, Cl: cloranfenicol, V: vancomicina, T: tetracilina, K: kanamicina, C: ciprofloxacino

Del total, un 30% de los aislados demostró resistencia a antibióticos como tetraciclina y vancomicina. Por un lado, la tetraciclina es un antibiótico usado ampliamente en ámbitos veterinarios, tanto para tratamiento, profilaxis y aditamento alimenticio para animales de granja, generando una distribución considerable en ambientes naturales de manera residual (**Figura 21**) (Conde-Cid et al., 2020; Du y Liu, 2012). Aunado a esto, su uso también en medicina clínica representa un valor muy variable de tetraciclinas de primera generación, ya que cuenta una liposolubilización baja con respecto a los antibióticos de las siguientes

generaciones: Incluso su metabolización a una molécula de menor actividad es baja, con aproximadamente un 5% de rendimiento metabólico, implica que es excretada como molécula activa (por vía renal), pudiendo acabar en desechos residuales urbanos (Vojtová 2009).

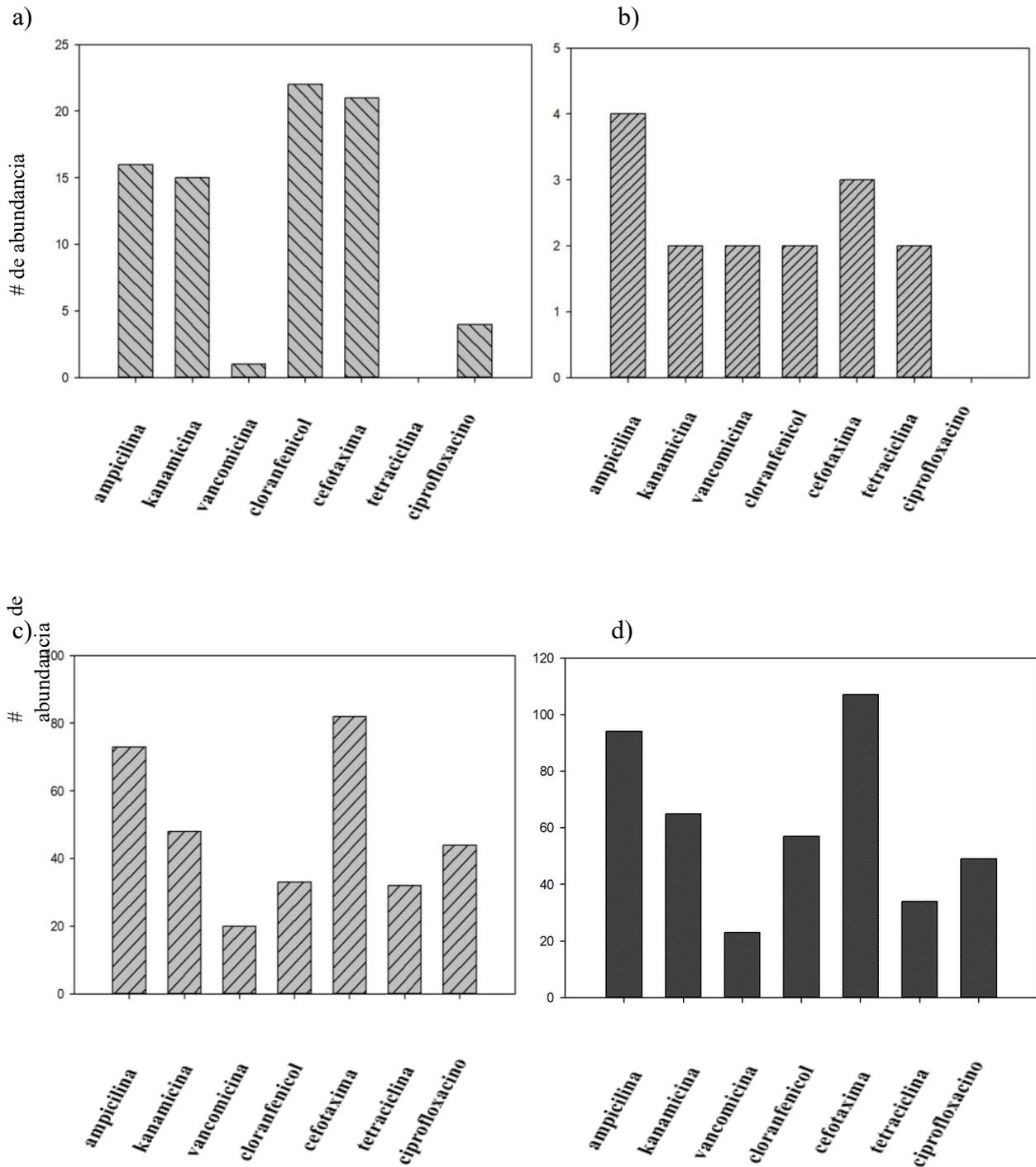


Figura 20. Numero de abundancia de resistencia a cada grupo de antibiótico por sitio. a) Sitio Termoelectrica, b) Sitio Banderitas, c) Sitio Cola de Ballena, d) Resultado global. Nota: Se omitió el sitio Estero Zacatecas debido a que solo se tuvo un aislado con perfil fenotípica de multiresistencia antibióticos.

Por otro lado, la vancomicina es un antibiótico del grupo de los glucopéptidos, que anteriormente era utilizado para tratar infecciones intestinales, aunque posteriormente dejó de ser usado ante la presencia de nuevos antibióticos con menos efectos tóxicos y con un efecto similar (Biggel et al., 2021; Levine, 2006). Hoy en día, este antibiótico es reservado para tratar infecciones nosocomiales provocadas principalmente por bacterias Gram positivas con un perfil de multirresistencia, incluyendo *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (Cetinkaya et al., 2000; He et al., 2020a; Levine, 2006). Actualmente, algunas normativas prohíben el uso de los glucopéptidos como la vancomicina para usos en contextos como en la medicina veterinaria (Okeke et al., 2022). De acuerdo con los resultados obtenidos en este trabajo, el manglar Cola de Ballena presentó una abundancia de aislados resistentes a vancomicina del 40%.

El manglar Cola de Ballena se encuentra sobre un sitio de descarga de una planta de aguas residuales, lo que podría explicar esta diseminación. Resultados similares se han reportado en un manglar en Malasia cercano a un sitio de desecho de un puerto, donde se analizó la presencia de bacterias cultivables con potencial patogénico aisladas de sedimento donde el 100% de sus aislados presentaban resistencia a vancomicina (Jalal et al., 2010). En el mismo estudio también se encontró un porcentaje del 66.7% de cepas multirresistentes a cloranfenicol, otro de los antibióticos analizados en este trabajo. El amplio espectro del cloranfenicol lo hace un antibiótico sumamente utilizado en diversas áreas como la área clínica y medicina veterinaria, entre ellas la acuicultura, debido a su bajo costo y gran capacidad de acción como bacteriostático, aunque en los últimos años algunos países como China han prohibido su uso debido a efectos secundarios en la salud humana como su relación con el desarrollo de anemia aplásica y leucemia (George y Hall, 2002; Ruan et al., 2020). Por otro lado, se han reportado análisis espacio-temporales llevados a cabo en estanques de acuicultura en costas, donde se ha logrado determinar concentraciones variables de cloranfenicol detectadas por UPLC-MS/MS, que iban desde *No Detectable* hasta los 0.52 $\mu\text{g kg}^{-1}$ en sedimentos y con concentraciones que iban hasta los 0.83 ng L^{-1} en muestras de agua. Además, en el mismo trabajo se detectaron casos positivos de genes de resistencia en el mismo estanque, lo cual puede promover un escenario de diseminación de resistencia por presión selectiva o por adquisición de elementos genéticos a ecosistemas costeros aledaños (Ruan et al., 2020).

Por otro lado, se ha reportado en diversos trabajos de investigación la presencia de antibióticos del grupo de los aminoglucósidos como la kanamicina. En uno de los reportes, el 77.8% del total de los aislados patógenos del manglar Tanjung contaban con resistencia a kanamicina, siendo atribuido a los diversos desechos vertidos en un embarcadero cercano (Jalal et al., 2010). Así mismo, en estudios similares se han observado aislados de *E. coli* el manglar Matang en Malasia con resistencia al grupo de los aminoglucósidos, como kanamicina, neomicina y estreptomicina cercano al 83 % del total de los aislados (Ghaderpour et al., 2015). Por otro lado, la resistencia presentada al grupo de fluoroquinolonas y en específico al ciprofloxacino abarcó aproximadamente el 48% de los aislados globales del presente trabajo de investigación. Tomando en cuenta el amplio espectro de acción este antibiótico como bactericida y aunado a su amplio uso en el ámbito veterinario como en el caso de la acuicultura, se ha podido demostrar la relación entre esta dinámica de uso y la diseminación de la resistencia adquirida a este antibiótico en ecosistemas marinos (Imchen et al., 2018b, 2019; Khan et al., 2022). Además, se ha reportado baja incidencia de ciprofloxacino en ambientes acuáticos “poco perturbados”, por lo cual, la diseminación de resistencia a este antibiótico por presión selectiva puede relacionarse con alto impacto de perturbación antrópica (Begum y Yasmin Shilpi, 2022).

Por otro lado, tanto ampicilina y cefotaxima fueron los antibióticos con más resistencia mostrada por parte de los aislados. En primer lugar, el uso de la ampicilina y en general del grupo de las penicilinas, desde su descubrimiento marcó un hito dentro de la microbiología y la medicina misma (Iskandar et al., 2022). Desde su introducción en 1961 la ampicilina se convirtió en uno de los agentes farmacéuticos más recetados a nivel mundial, aún y cuando los primeros reportes de resistencia a este antibiótico comenzaron en los años 70s con el aislamiento de una cepa resistente de *Haemophilus influenzae* (Lobanovska y Pilla, 2017). Tanto la diseminación y persistencia de este antibiótico, así como los factores que promueven la resistencia hacia el mismo en el medio ambiente han sido bien descritos en años recientes (Peechakara et al., 2022; Lobanovska y Pilla, 2017; Rahardjo et al., 2011; Zhao et al., 2021). En cuanto a la presencia de resistencia a ampicilina en ambientes naturales como los manglares, existen reportes de sitios con un alto porcentaje de bacterias con resistencia a este fármaco. En un estudio en un manglar en Malasia, en donde se logró determinar la presencia de cepas resistentes a ampicilina, además que gran parte de estos aislados contaban con

potencial de riesgo sanitario como *A. hydrophyla*, *E.coli*, *P. aeruginosa*, *E. clocae*, y *K. pneumoniae*, (Jalal et al., 2010). Del mismo modo, en un estudio en un manglar en Sundarban, India, se determinó cómo la presencia antrópica en los sitios muestreados, presentaban un patrón de diseminación de resistencia a antibióticos (Bhattacharyya et al., 2019). En este mismo estudio lograron aislar 18 cepas con resistencia fenotípica a ampicilina, y se detectó la presencia del gen *BLA_{TEM}* en el mismo ambiente. En el caso de *BLA_{TEM}* es un factor genético que promueve la resistencia a betalactámicos mediante la síntesis de enzimas betalactamasas, que descomponen la estructura molecular de estos antibióticos para inactivarlos. Asimismo, se propuso que los resultados presentados se relacionaban con influencias antrópicas particulares, como la presencia de hidrocarburos aromáticos policíclicos y metales pesados en los sitios donde el gen fue detectado (Bhattacharyya et al., 2019).

Por su parte, la presencia de representación fenotípica de resistencia cefotaxima fue la más alta de los aislados cercana al 90% global. La cefotaxima es un antibiótico del grupo de las cefalosporinas de 3era generación, y su uso se restringe a aplicación en infecciones nosocomiales como septicemia, uretritis, cervicitis e incluso para profilaxis en prácticas quirúrgicas (Padda, 2023). Adicionado a esto, algunas instituciones gubernamentales como la FDA prohíben su uso como medicamento veterinario en animales grandes, por lo cual algunas regiones restringen su uso en el ámbito (Papich, 2016). Dada la gran prevalencia fenotípica en los aislados, pueden considerarse diversas causas de esta resistencia. En primer lugar, una resistencia intrínseca, lo cual es relacionado ampliamente por la expresión de proteínas de unión a penicilinas (PBP) de gran peso molecular y con menor afinidad a la unión a betalactámicos (Felisart et al., 1985; Markland et al., 2019). Este es un comportamiento que se ha observado en tanto en cepas Gram positivas como Gram negativas de tipo silvestre y en aislados clínicos como *S. aureus* (Derek y Reynolds., 1980; Jamin et al., 1993). Así mismo la presencia natural del gen *AmpC*, de manera cromosomal en cepas bacterianas promueve la síntesis de una proteína betalactamasa con gran capacidad de inhibir cefalosporinas, incluso aquellas de tercera generación como lo son la ceftazidima y la cefotaxima (Jacoby, 2009). Así también se ha demostrado que la presencia de factores como las secuencias de inserción ISAbal pueden estar posicionadas óptimamente río arriba de la secuencia de *AmpC* para promover la expresión de estas betalactamasas (Hamidian y Hall,

2013). De la misma manera se ha reportado que en algunas bacterias como *P. aeruginosa* ha habido disminución de la expresión de porinas de la membrana celular bajo la presencia de antibióticos betalactámicos, lo cual disminuye la afinidad a estos fármacos, como es el caso de la disminución de expresión de la porina *oprD* (Anjum et al., 2023).

De manera general, la presencia de resistencia a cefotaxima (CRB por sus siglas en inglés) en ecosistemas como manglares no se encuentra ampliamente descrita, pero es posible encontrarlo en otros entornos acuáticos como lo son ríos. Se ha demostrado la prevalencia de bacterias resistentes a CRB en la producción ganadera. Se ha sugerido que la presencia de CRB, tanto en el ambiente natural y heces fecales provenientes de animales de granja, no se puede relacionar únicamente con el suministro de este antibiótico, ya que se ha demostrado la adquisición de resistencia a cefotaxima a factores naturales, como es el caso del agua y suelo donde constantemente este tipo de animales obtienen parte de su recurso alimenticio (Markland et al., 2019). Asimismo, muestras de forraje, agua y suelo, han sido analizadas para determinar la presencia de CRB, donde encontraron una concentración mayor significativa de CRB en forraje y muestras ambientales, con 95.7% en forraje, 98.7% en suelos y 88.6% en agua, en comparación con un 47.4% en heces fecales (Markland et al., 2019). Se sugiere que la presencia de CRB en heces fecales de animales de granja proviene del alimento que obtienen del ambiente que previamente se encontraba contaminado, ya que se reveló que la secuencia genética del gen CTX-M relacionado con la expresión de resistencia a cefotaxima estaba estrechamente relacionado clonalmente con aquellos genes encontrados en heces de animales de granja (Hartmann et al., 2012).

Conforme a la resistencia promovida por residuos, se ha comprobado la presencia CRB en muestras de agua de un río que atraviesa una planta de tratamiento de aguas residuales, donde el total de cepas aisladas presentaron resistencia a cefotaxima (Ho et al., 2021). Esto puede relacionarse con lo encontrado en el sitio de Cola de Ballena próximo a una planta de tratamiento de aguas residuales.

La resistencia a antibióticos puede explicarse por resistencia intrínseca o por presión selectiva (Chapman, 2003), así como también la transmisión de elementos genéticos tanto vertical como horizontalmente (Li et al., 2019); o bien mediante el proceso de transformación ambiental mediada la adquisición de ADN exógeno presente de manera libre en el ambiente

así también por la infección ocasionada por bacteriófagos (Palacios et al., 2021; Rivera-Chavira et al., 2020.; Von Wintersdorff et al., 2016).

7.2.4. Elementos genéticos de resistencia y su correlación con los ARGs

Los genes que más abundancia presentaron los aislados bacterianos con un perfil de multiresistencia fenotípica fueron *TetA* > *Int1* > *BlaND* > *BlaCTX* > *alp'* > *VanA* > *BlaVIM* > *optR* > *Sul1* > *blaKPC* > *sul2* > *qnrS*. Se pudo observar una mayor abundancia de algunos elementos genéticos como *tetA* en comparación con el resto, ya que este gen estuvo presente en 72 de los 114 aislados totales, siendo entonces el de mayor abundancia (**Figura 22**). Este resultado propone en teoría la capacidad de expresión de resistencia a tetraciclina, sin embargo, el número de aislados que presentaron resistencia no fue igual comparado con la magnitud de los aislados obtenidos con dicho elemento genético validado por la correlación correspondiente (**Figura 23**).

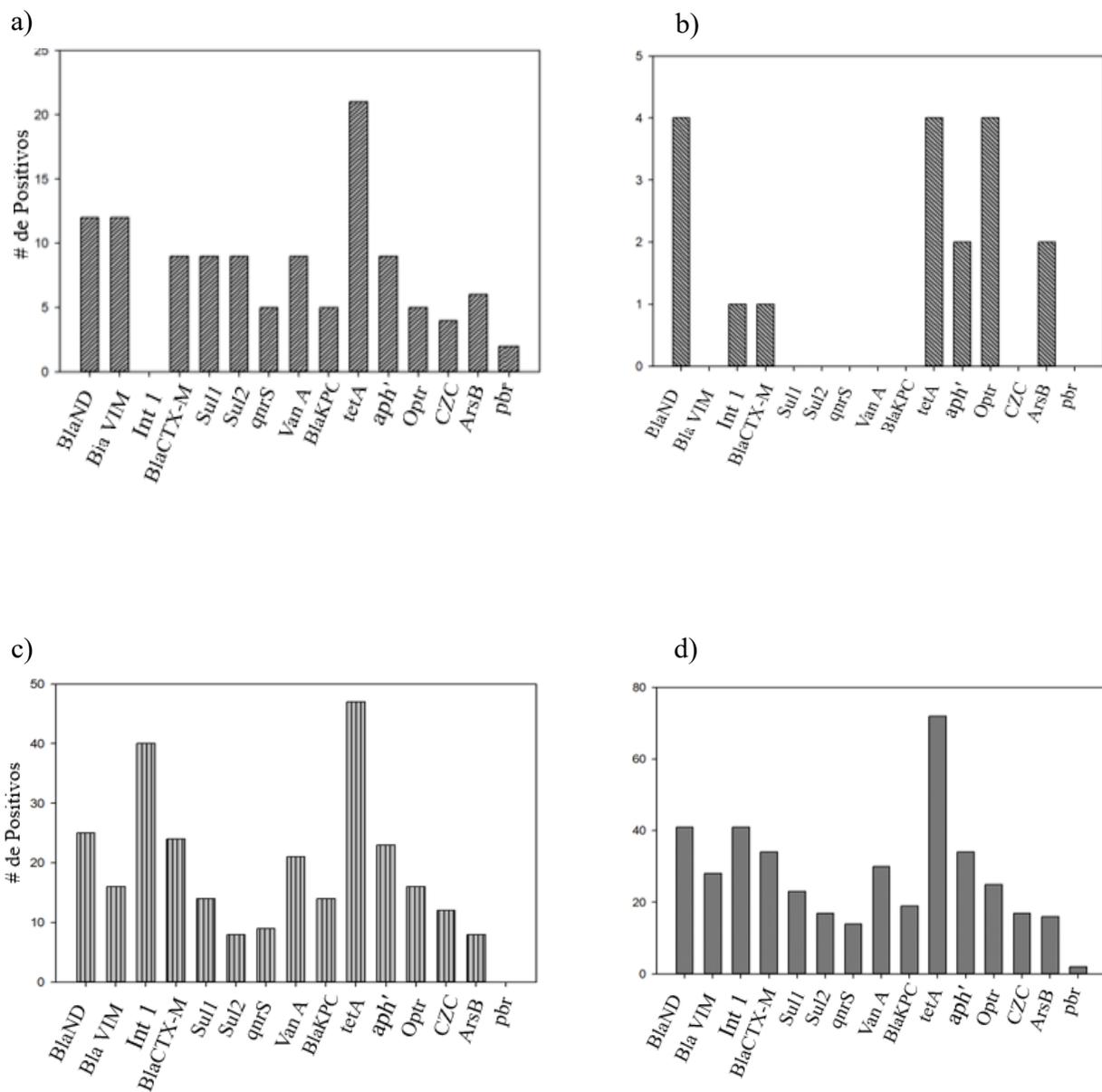


Figura 21. Abundancia de genes positivos de cepas multiresistentes por sitio. a) Sitio termoelectrica, b) Sitio Banderitas, c) Sitio Cola de Ballena, d) Resultados globales de los sitios.

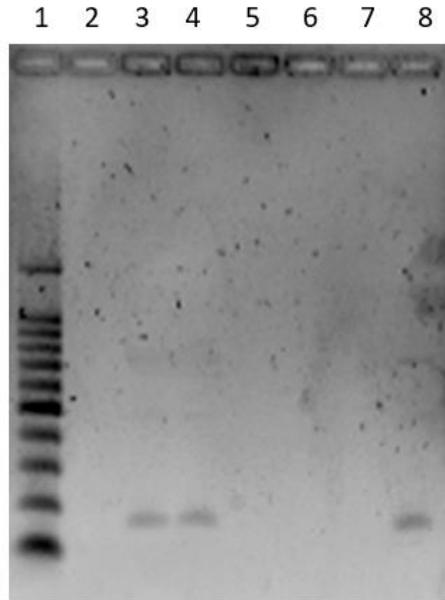


Figura 22. Amplicon positivo de *tetA* (aprox 150 pb). Gel de Agarosa al 1.5%.; Carril 1: Marcador de peso molecular 100pb, Carril 3; Muestra positiva de sedimento del sitio de Termoeléctrica, Carril 4; Muestra positiva de cepa multirresistentes 3Ter, Carril 7; Control negativo, Carril 8; Control positivo muestra 29.

Además, el mismo resultado propone que algunas cepas bacterianas que presentan el gen *tetA* en su genoma, pueden mostrar una fase lag prolongada es decir el crecimiento colonial se retrasa, presuntamente debido a una expresión tardía del gen *tetA*. Por ello, aunque algunas cepas cuentan con este elemento genético, en algunas ocasiones tarda en expresarse. Debido a esto se pueden presentar falsos negativos a la resistencia fenotípica a tetraciclina, los cuales podrían variar de acuerdo a los tiempos de incubación. (Møller et al., 2016). Además, por medio de ensayos de qPCR se ha demostrado que la abundancia de mRNA-*tetR* en cultivos *in vitro* (*tetR*; gen represor de *tetA*) disminuía de acuerdo con el aumento de concentración de tetraciclina en el medio y a su vez la abundancia de mRNA-*tetA* aumentaba (Møller et al., 2016).

Por otro lado, la matriz de correlación (**Figura 24**) demostró que la expresión fenotípica y presencia de los genes resistencia a antibióticos mostraron poca correlación, como el caso de los genes codificantes para betalactamasas como *blaVIM*, *blaND*, aún y cuando la presencia de uno se relaciona con la presencia de otro, no se encontró relación con la resistencia fenotípica a betalactámicos. No obstante, el gen *blaCTX*, se relacionó con la presencia de resistencia fenotípica a cefotaxima y ampicilina, así mismo la relación entre el gen *vanA*

también vio relación con respecto a la resistencia a vancomicina. De la misma manera, la presencia del integrón (*int1*) tuvo relación con la expresión fenotípica de ampicilina, vancomicina, cloranfenicol, tetraciclina y ciprofloxacino, dejando entrever la posibilidad de albergar otros genes en su estructura genética (Gillings, 2014; Partridge et al., 2000; Riccio et al., 2003; Sajjad et al., 2011).

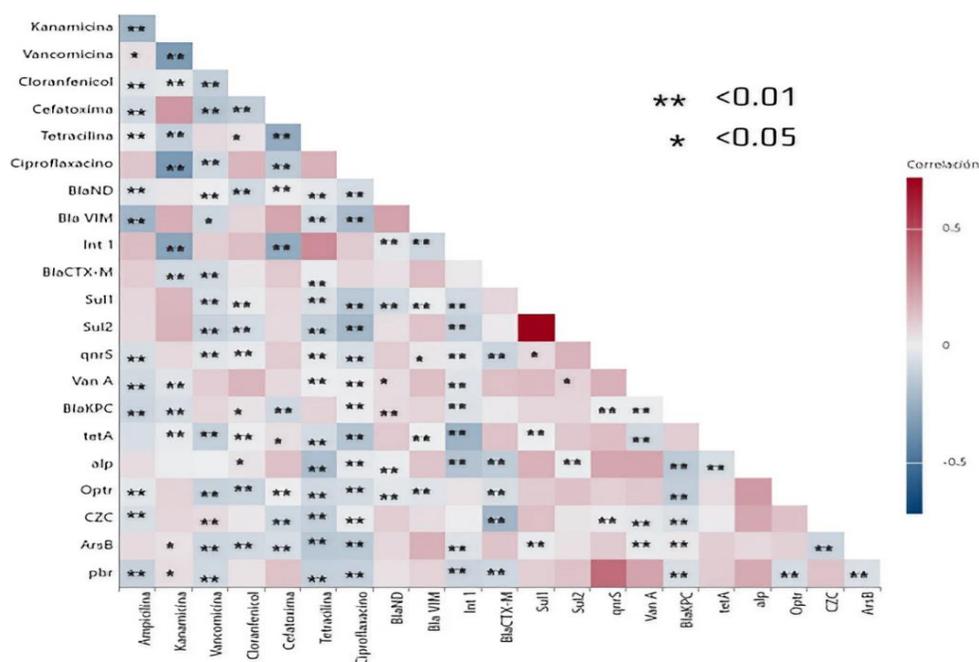


Figura 23. Correlograma de variantes fenotípicas y genéticas globales

Dado el porcentaje relevante entre la falta de expresión fenotípica y los genes amplificados, es probable la presencia de genes silenciados o sin expresar, es decir elementos genéticos presentes en el genoma de los aislados que no presentan expresión aún y cuando existe el estímulo de un fármaco como los antibióticos. Existen algunos mecanismos que pueden explicar esto como la carencia de promotores eficaces para la transcripción del gen (Podglajen y Collatz, 1994), o como la posición de estos elementos genéticos fuera del alcance de los promotores en casetes genéticos, promoviendo la falta de expresión, ocasionado por efectos de polaridad (Fluit y Schmitz, 1999).

Por otro lado, el costo metabólico de la expresión de los diversos factores de resistencia es significativamente alto, sobre todo cuando no se encuentran bajo presión selectiva (Ternent et al., 2015). Por ello, algunas cepas bacterianas tienen la capacidad de desarrollar mutaciones, las cuales le permitan reprimir la expresión o promoción de factores como la resistencia a fármacos, especialmente en ambientes con competencia extrema, lo cual les daría una ventaja selectiva con respecto a otras cepas presentes (Enne et al., 2006; Ternent et al., 2015; Wagner et al., 2023). Los mecanismos propuestos en años recientes se basan primordialmente en mutaciones puntuales, que pueden inactivar la expresión de un gen en específico y más importante aún, que estos procesos puedan ser reversibles, con el fin de mantener la competitividad antes mencionada (Ternent et al., 2015). Recientemente se han descrito algunos mecanismos relevantes; por ello se ha propuesto el término resistencia microbiana adquirida transitoriamente silenciosa (tsaAMR), que tiene como propósito describir aquellos mecanismos por los cuales los genes de resistencia a antibióticos, pueden ser silenciados bajo algunas circunstancias, por lo cual en algunas ocasiones este mecanismo repercute en los test de sensibilidad antibiótica y por ende un problema subsecuente (Wagner et al., 2023). Dentro de esta definición de tsaAMR, se pueden abordar algunos ejemplos puntuales como la presencia de regiones de inserción o IS, que cuentan con una enzima transposasa que les permite recolocarse a lo largo de un genoma bacteriano (Kime et al., 2019). También se ha demostrado la escisión del elemento transposable IS256, relacionado con los genes de resistencia a macrólidos *ermA*, aminoglucósidos *aac-aphD* en *S. aureus* (Kime et al., 2019). De la misma manera, se ha presentado una sustitución de un solo nucleótido en el mismo gen (*ermA*), donde ambos mecanismos, tanto la escisión de IS256 y la sustitución de un solo nucleótido en el gen *ermA*, fueron reversibles, permitiendo silenciar o activar el fenotipo de resistencia (Kime et al., 2019). De igual manera, también existen mutaciones que promueven la presencia de un codón de paro prematuro en el gen *mecA* de *S. aureus*, y pudiendo repararse para una expresión fenotípica (Goering et al., 2019). Igualmente, se han reportado en *E. faecium* la expresión truncada de genes de resistencia, y posteriormente cuando exista un estímulo antibiótico, se incrementa el número de copias de los genes de resistencia, para promover la expresión fenotípica de resistencia (Wagner et al., 2021). Otro mecanismo descrito es el mecanismo mediado por transposón Tn5206, que

promueve una dinámica de sobreproducción de betalactamasas en *E. coli*, cuando la cepa se encuentra bajo la presencia de algunos antibióticos (Schechter et al., 2018).

La presencia de tsaAMR puede generar diversas opiniones al respecto, sobre todo si está implicado un problema potencial de salud pública. Aun así, es importante comentar que el hecho de que existan estos factores y que puedan promover un problema mayor, no siempre existe la posibilidad de que estos estén asociados a un agente patógeno, en especial si se trata de ambientes naturales. Dado esto, la existencia y propagación de genes de resistencia a antibióticos en los ambientes naturales puede involucrarse en una dinámica propia del ecosistema, incluso si no existe una determinante antrópica, considerando que los genes asociados a la resistencia de los antibióticos y a otros factores adicionales, se considera ancestrales, antes de la era humana (Baba et al., 2009; Ebmeyer et al., 2021; Lupo et al., 2012; Rowe-Magnus et al., 2002).

Existe una gran posibilidad que en sitios como Cola de Ballena y Termoeléctrica, sea los sitios con más impacto antrópico, en particular comparándolos con otros sitios de condiciones bióticas similares.

7.2.5. Abundancia de elementos genéticos de resistencia en sedimentos de manglar

La determinación de elementos genéticos positivos en muestras de sedimento de manglar fue; 57 en Termoeléctrica, 48 en Banderitas, 57 Estero Zacatecas y 29 en Cola de Ballena. En cuanto a la abundancia con respecto a la profundidad de la cual fue obtenida la muestra, fue a 15 cm con una relación 101:78 con respecto a 30 cm. De la misma manera se presentaron muestras positivas a todos los genes, siendo *Sul2*, *Int1* y *VanA* los más presentes con una incidencia de presencia positiva en 26, 22 y 17 muestras respectivamente, siendo en CFE donde se encontraron la mayoría de estos componentes (**Tabla 18**).

Tabla 18. Abundancia de genes de resistencia en sedimentos de manglar

Genes	Sitios y Profundidad								Total
	15 cm				30 cm				
	TE	B	EZ	CB	TE	B	EZ	CB	
<i>BlaND</i>	1	2	2	0	1	0	3	1	10
<i>BlaVIM</i>	1	2	2	1	1	1	1	0	9
<i>Int1</i>	4	2	5	1	4	3	3	0	22
<i>BlaCTX-M</i>	1	4	4	1	1	2	1	1	15
<i>Sul1</i>	2	3	1	3	2	1	1	0	13
<i>Sul2</i>	4	3	5	3	4	2	4	1	26
<i>qnrS</i>	2	0	0	4	2	0	0	1	9
<i>VanA</i>	1	3	0	1	1	4	6	1	17
<i>BlaKPC</i>	1	0	2	2	1	0	2	0	8
<i>tetA</i>	1	3	1	1	1	1	3	1	12
<i>aph'</i>	1	0	1	0	1	0	0	1	4
<i>Optr</i>	0	1	0	0	0	0	1	0	2
<i>CZC</i>	1	4	2	2	1	0	1	1	12
<i>ArsB</i>	1	1	3	0	1	0	0	1	7
<i>pbr</i>	1	1	3	0	1	5	0	1	12
Total	22	29	31	19	35	19	26	10	178

Resultados similares fueron obtenidos en un manglar en China, donde se logró identificar a través del estudio del resistoma del sitio y a partir de muestras desde 0 cm hasta 100 cm de profundidad. Fue en las muestras que rondaban en el rango de 0 a 15 cm donde se obtuvo el mayor número de lecturas de ARGs y MRGs, que continuamente fue decayendo conforme la profundidad aumentaba (>15 cm). Así mismo en un manglar en Hainan, China, recolectaron muestras de sedimento de 5 cm de profundidad y analizaron por medio de qPCR la presencia de genes de resistencia a partir de un set de 296 pares de oligonucleótidos. Los resultados mostraron una incidencia de 21.78% de genes que confieren resistencia a betalactámicos, y 6.93% a vancomicina, además que en cuanto a la presencia de MRGs a lo largo de los sitios, el elemento genético más abundante fue el *Int1* (Jiang et al., 2021). La presencia de estos elementos genéticos en sedimentos se considera ubicua a lo largo de los ecosistemas, sea tanto de manera celular o extracelular (Alzubaidy et al., 2016). Debido a esto, es necesario considerar el amplio espectro que puede proporcionar un análisis de

sedimento ya que, se puede obtener evidencia tanto de nucleótidos libres o bien elementos genéticos de bacterias difíciles de cultivar por métodos tradicionales (Imchen et al., 2018c; Imchen y Kumavath, 2021; Swift et al., 2019; Zhu et al., 2018).

7.2.6. Identificación molecular de las cepas multirresistentes

De los microorganismos aislados de sedimentos de manglar, un total de 112 cepas mostraron un perfil de multirresistencia fenotípica a 3 o más antibióticos (Magiorakos et al., 2012). Para la identificación molecular por secuenciación del gen 16S ribosomal, se tomaron en cuenta sólo aquellas cepas que contaran con resistencia a 4 o más antibióticos. Por lo cual, se pudieron identificar 4 cepas de TE y 39 de CB, representando el 38.39% del total de las cepas. Además, excluyendo los sitios de estero Zacatecas y Banderitas por solo presentar multirresistentes a solo 3 antibióticos, los resultados se describen **Figura 25**.

ID	Microrganismo	Similitud %	A	K	C	Cl	Ce	T	V
1CB	<i>Bacillus proteolyticus</i>	99.14%	■	■	■	■	■	■	■
6CB	<i>Bacillus sanguinis</i>	99.09%	■	■	■	■	■	■	■
7CB	<i>Bacillus cereus</i>	99.79%	■	■	■	■	■	■	■
9CB	<i>Bacillus cereus</i>	99.15%	■	■	■	■	■	■	■
11CB	<i>Bacillus cereus</i>	99.19%	■	■	■	■	■	■	■
12CB	<i>Bacillus cereus</i>	82.62%	■	■	■	■	■	■	■
16CB	<i>Bacillus nitratireducens</i>	98.87%	■	■	■	■	■	■	■
17CB	<i>Bacillus tropicus</i>	96.43%	■	■	■	■	■	■	■
19CB	<i>Bacillus cereus</i>	97.07%	■	■	■	■	■	■	■
21CB	<i>Bacillus tropicus</i>	96.43%	■	■	■	■	■	■	■
23CB	<i>Bacillus proteolyticus</i>	99.16%	■	■	■	■	■	■	■
24CB	<i>Bacillus Weidmannii</i>	99.51%	■	■	■	■	■	■	■
26CB	<i>Bacillus luti</i>	99.51%	■	■	■	■	■	■	■
27CB	<i>Rosellemorea marisflavi</i>	93.27%	■	■	■	■	■	■	■
28CB	<i>Bacillus clarus</i>	99.42%	■	■	■	■	■	■	■
30CB	<i>Bacillus tropicus</i>	99.58%	■	■	■	■	■	■	■
33CB	<i>Bacillus cereus</i>	99.86%	■	■	■	■	■	■	■
34CB	<i>Bacillus fungorum</i>	99.59%	■	■	■	■	■	■	■
36CB	<i>Bacillus cereus</i>	98.88%	■	■	■	■	■	■	■
37CB	<i>Bacillus cereus</i>	90.21%	■	■	■	■	■	■	■
38CB	<i>Bacillus tropicus</i>	91.81%	■	■	■	■	■	■	■
39CB	<i>Enterococcus lactis</i>	98.33%	■	■	■	■	■	■	■
40CB	<i>Bacillus nitratireducens</i>	99.44%	■	■	■	■	■	■	■
41CB	<i>Bacillus proteolyticus</i>	98.45%	■	■	■	■	■	■	■
42CB	<i>Bacillus clarus</i>	99.52%	■	■	■	■	■	■	■
43CB	<i>Bacillus paramycoides</i>	99.23%	■	■	■	■	■	■	■
44CB	<i>Bacillus paramycoides</i>	90.53%	■	■	■	■	■	■	■
45CB	<i>Bacillus paramycoides</i>	99.51%	■	■	■	■	■	■	■
46CB	<i>Bacillus paramycoides</i>	99.36%	■	■	■	■	■	■	■
49CB	<i>Bacillus nitratireducens</i>	91.42%	■	■	■	■	■	■	■
50CB	<i>Bacillus cereus</i>	99.09%	■	■	■	■	■	■	■
52CB	<i>Bacillus cereus</i>	99.09%	■	■	■	■	■	■	■
54CB	<i>Bacillus cereus</i>	95.02%	■	■	■	■	■	■	■
55CB	<i>Bacillus paramycoides</i>	90.03%	■	■	■	■	■	■	■
57CB	<i>Bacillus paramycoides</i>	98.58%	■	■	■	■	■	■	■
60CB	<i>Bacillus tropicus</i>	85.60%	■	■	■	■	■	■	■
62CB	<i>Bacillus sanguinis</i>	93.32%	■	■	■	■	■	■	■
72CB	<i>Bacillus proteolyticus</i>	96.09%	■	■	■	■	■	■	■
83CB	<i>Bacillus paramycoides</i>	82.90%	■	■	■	■	■	■	■
3TER	<i>Staphylococcus epidermis</i>	97.06%	■	■	■	■	■	■	■
6TER	<i>Nialia circulans</i>	92.06%	■	■	■	■	■	■	■
19TER	<i>Peribacillus acanthi</i>	82.77%	■	■	■	■	■	■	■
22TER	<i>Paenibacillus lautus</i>	96.52%	■	■	■	■	■	■	■

Figura 24. Resultados de bacterias multirresistentes (>4 antibiótico). Se muestra el organismo que presentó la mayor similitud a la cepa aislada (ID), además en los cuadros rojos representan la resistencia fenotípica a cada antibiótico; A: ampicilina, K; kanamicina, C; ciprofloxacino, Cl; cloranfenicol, Ce; cefotaxima, T; tetracilina, V; vancomicina

En los resultados obtenidos, los aislados con las características antes mencionadas, que pertenecen al Filo Firmicutes, fueron en su mayoría del género de *Bacillus* spp. Muchas de estas cepas resultan ser representativas del microbiota natural del suelo. Es decir, de manera reservada se podría tratar de microbiota natural del ecosistema, y dado que especies como *Bacillus cereus*, *Bacillus tropicus*, *Bacillus nitroreducens*, *Bacillus proteolyticus*, *Bacillus luti* y *Bacillus clarus*, están en gran parte consideradas como especies de suelo y sedimento acuático (Bae et al., 2005; Bhaskar et al., 2007; Guo et al., 2016; Jung et al., 2009; Shen et al., 2022; Yang et al., 2013). Por otro lado, especies como *Bacillus paramycooides* han sido descritas como parte de la microbiota natural de algunas especies marinas como peces y crustáceos (Yousuf et al., 2023). Por consiguiente, resulta relevante el perfil fenotípico de resistencia que representan, puesto que los manglares resultan ambientes extremos para algunos organismos, por lo que la adquisición de características fenotípicas que apoyen la competencia por nutrientes resulta ideal (Sahoo y Dhal, 2009; Southward, 2001).

Anteriormente se trató la posibilidad de presencia de tsaAMR, que promueve la presentación de resistencia fenotípica solo cuando esta sea necesario, preservando los genes de resistencia en las células llevando a un consumo energético menor (Enne et al., 2006; Kime et al., 2019; Ternent et al., 2015). La necesidad de preservar y fungir como reservorio de factores genéticos de resistencia proviene de las distintas variantes que pueden presentar algunos ambientes naturales. Estos pueden presentar diversas alteraciones de tipo exógeno, si se toma en cuenta que la gran mayoría de los aislados multirresistentes se presentaron en los sitios aparentemente más perturbados como Cola de Ballena y Termoeléctrica. Además de la frecuente de presión selectiva a través del contacto con antibióticos, desechos de estos o diseminación por agentes biológicos externos, también existen otros elementos que se relacionan con las actividades de perturbación antropogénica como la presencia de concentraciones altas de metales pesados (Yamina et al., 2012). Este elemento es de especial importancia en el sitio de Cola de Ballena, por su cercanía a la planta de tratamiento de agua residual que representa un lugar óptimo para la acumulación de elementos como los metales pesados. Aunado a esto, se ha podido evidenciar la resistencia a metales pesados, la co-resistencia a otros metales pesados y la resistencia a antibióticos en aislados bacterianos de

agua residual. Por ejemplo, en bacterias del género *Bacillus* spp. donde mostraron resistencia a Cr, co-resistencia a Pb y resistencia a betalactámicos como AMP y amino glucósidos como kanamicina (Yamina et al., 2012). Asimismo, se ha encontrado relación entre la resistencia a Co, Ni y Zn a ampicilina en una comunidad bacteriana aeróbica hipertrófica marina (Sabry et al., 1997). De modo semejante, otro factor como son los biocidas empleados en ecosistemas acuáticos, también puede aportar a esta diseminación de resistencia. Se ha comprobado la relación entre la resistencia a tetraciclina y la resistencia a Cu y Zn en bacterias marinas, comparando superficies de botes pintadas con pintura antiincrustante que contienen biocidas y otras no pintadas con los mismos materiales. Es relevante mencionar que estos elementos son conocidos adicionalmente por contener cantidades significativas de Cu y Zn, sugiriendo una relación entre estas características fenotípicas de resistencia (Flach et al., 2017).

Algunas cepas de *B. cereus* han sido denominadas como intrínsecamente resistentes a antibióticos betalactámicos (Da Silva Fernandes et al., 2014; Yibar et al., 2017; Zhai et al., 2023). Aunado a esto se ha reportado que la presencia de factores genéticos como los regulones σ^W , σ^X y σ^M , y algunos factores sigma, inducen una función extra citoplasmática, inducida por la presencia de algunos compuestos antibióticos que promueven fluidez de membrana, cambios en la superficie de membrana, disminución de producción de auto lisina, formación de biopelícula acetilación de peptidoglicano, entre otras. Esto apoya en la presentación de resistencia a antibióticos como betalactámicos, vancomicina, y algunas bacteriocinas (Woods y McBride, 2017).

Dos cepas fueron identificadas como diferentes al grupo de género de *Bacillus* spp., una de Cola de Ballena y otra de Termoeléctrica: *Enterococcus lactis* y *S. epidermis*. Por un lado, las bacterias del género *E. lactis* han sido ampliamente relacionadas con su presencia en el tracto digestivo de algunos animales incluyendo humanos, además de ambientes naturales como es el suelo (Ben Braïek et al., 2018; Morandi et al., 2012). Este género conocido que el género puede tolerar altas concentraciones de salinidad, por lo que es probable encontrarlos en el ambiente de manglar (Ben Braïek et al., 2018). Además, se ha considerado la posibilidad de que *E. lactis* presente resistencia natural a antibióticos como cefotaxima y kanamicina, aunque no se ha demostrado que presente factores de virulencia (Annamalai et al., 2009;

Belloso Daza et al., 2022; Ben Braïek et al., 2018; García-Solache y Rice, 2019; Lu et al., 2023; Morandi et al., 2012; Reviriego Herráez et al., 2008).

Por su parte, la presencia de una cepa con alto grado de similitud a *S. epidermis*, en el sitio de termoelectrica, propone un escenario un tanto distinto, ya que las bacterias del género suelen estar presentes en mayor parte en tejidos y mucosas de ciertos mamíferos como los seres humanos (Vuong y Otto, 2002). A pesar de lo anterior esta bacteria puede adaptarse a algunos ambientes naturales. De hecho, la presencia de *S. epidermis* ha sido relacionada con las esponjas marinas (Riyanti et al., 2020; Zaghoul et al., 2021). En comparación con las otras cepas, el caso de *S. epidermis*, resulta un poco peculiar sobre todo si lo relacionamos con un aspecto clínico. Lo anterior, debido a que en múltiples ocasiones se ha demostrado la capacidad de esta bacteria de poder generar infecciones en pacientes con dispositivos médicos, como injertos vasculares, válvulas cardíacas y articulaciones prostáticas (Vuong y Otto, 2002). Esto se debe principalmente por la formación de biopelículas en alrededor de dispositivos médicos, así como la liberación de la δ -toxina capaz de promover la lisis de los eritrocitos, mediada por la formación de poros alrededor de la membrana citoplasmática (Vuong y Otto, 2002). Cabe de mencionar que tanto la determinación del origen de la cepa, así como la probable presencia de factores de virulencia requieren algunos otros métodos de caracterización bioquímica y molecular (Vuong y Otto, 2002).

Por otro lado, también se pudo identificar una cepa de *Nialia circulans* (antes *Bacillus circulans* (Gupta et al., 2020)) que si bien es una cepa que pueda encontrarse en el ambiente naturales como el suelo y microbiota marina, también ha sido localizado en aguas residuales e intestinos de insectos (Das et al., 2008; Drobniowski, 1993; Russo et al., 2021). A pesar de lo anterior algunas cepas de *Nialia circulans* han sido caracterizadas como un potencial patógeno humano en diversos reportes médicos (Castagnola et al., 1997; Leary et al., 1986; Alebouyeh et al., 2011.; Qin et al., 2021).

En última instancia, se encontraron dos especies de *Peribacillus acanthi* que como *Niallia cirulans*, era clasificada anteriormente como (*Bacillus acanthi* (Gupta et al., 2020) y *Paenibacillus lautus*, son bacterias que han sido descritas como parte de la microbiota marina, e incluso aisladas de suelo rizosferico de manglar o sedimento del ecosistema (Liu et al., 2017; Ma et al., 2018; Mangwani et al., 2014; Zhao y Ruan, 2011). Cabe destacar que

algunas cepas de *P. lautus* presentan potencial patogénico. Existen algunos estudios donde se evidencia la presencia de algunas cepas de *P. lautus* multirresistentes a antibióticos, en ambientes clínicos aislados de muestras humanas como sangre, heridas y abscesos, aunque no se identifican ampliamente como “patógenos”, estos estaban presentes en los pacientes de donde fueron tomadas las muestras (Sáez-Nieto et al., 2017).

En el presente trabajo se logró identificar una abundancia de especies denominadas como *Bacillus* spp. o relacionadas a estas. Esto propone que, debido a algunas características de este género, puedan considerarse como parte natural de la microbiota de los manglares estudiados. A su vez, genera la pregunta de cuál podría ser la relación de la presencia abundante de estos aislados como multirresistentes. En algunos estudios metagenómicos en manglares se ha determinado al filo de Firmicutes dentro de los más abundantes (Alzubaidy et al., 2016; Ceccon et al., 2019; Imchen y Kumavath, 2021) como fuente de acumulación, tanto de microorganismos como de distintos contaminantes tales como agentes químicos y fármacos, entre otros. Esto puede resultar perjudicial en algunos factores bióticos del ecosistema. Es por ello que se propone la posibilidad de que la acumulación de estos elementos de resistencia tanto a antibióticos, y tolerancia a metales pesados pueda ser debida a la presencia cotidiana de algunos contaminantes, sobre todo en los lugares más perturbados. De esta manera, estas bacterias podrían almacenar estos elementos genéticos como parte de su adaptación evolutiva (Arumugam et al., 2018; Guo et al., 2017; Lyu et al., 2018; Marri et al., 2007; Taketani et al., 2010).

7.2.7. Metales pesados y genes de tolerancia a metales pesados en sedimento de manglar

En el presente estudio se empleó la tecnología de fluorescencia de rayos X, para determinar la presencia de elementos traza en sedimentos de manglar, haciendo especial énfasis en metales pesados, para lo cual se evaluaron todas las muestras obtenidas. Todas las muestras analizadas contaban con concentraciones por debajo de valores de referencia internacional para sedimentos marinos propuestos por la Agencia de Administración Oceánica y Atmosférica (Buchman, 1999) y los valores establecidos por el Departamento de Protección Ambiental de Florida (FDEP) (Reible, 1994). En la **Tabla 19** se muestran los valores promedio de cada sitio y punto analizados, los cuales demuestran una dinámica similar a los

valores particulares de cada muestra. Las concentraciones completas se encuentran en material suplementario (**Apéndice; Tabla 22, 23, 24 y 25**).

Tabla 19. Promedio general de las concentraciones detectadas en sedimentos de manglar por sitio en comparación con estándares internacionales para el tipo de suelo.

Elemento	Termoeléctrica	Banderitas	Estero Zacatecas	Cola de Ballena	ERL	ERM	TEL	PEL
As	0.197 ± 0.513	0.06 ± 0.15	0.034 ± 0.042	0.009 ± 0.032	8.2	70	7.24	41.6
Cr	0.437 ± 0.238	0.386 ± 0.156	0.266 ± 0.142	0.466 ± 0.132	81	370	52.3	160
Cu	0.080 ± 0.044	0.065 ± 0.041	0.079 ± 0.065	0.738 ± 0.262	34	270	18.7	108
Ni	0.453 ± 0.093	0.084 ± 0.040	0.561 ± 1.751	0.159 ± 0.052	20.9	51.6	15.9	42.8
Pb	0.232 ± 0.186	0.177 ± 0.162	0.353 ± 0.145	0.321 ± 0.132	46.7	218	30.2	112
Zn	1.911 ± 3.866	0.336 ± 0.138	0.360 ± 0.142	1.221 ± 0.413	150	410	124	271
Hg	0.241 ± 0.071	0.000278 ± 0.00079	0.001 ± 0.002	0.144 ± 0.505	0.15	0.71	0.13	0.70

Los resultados obtenidos mostraron que la mayoría de las muestras analizadas (n=84, >90%) no superaban las concentraciones propuestas por los organismos internacionales. No obstante, tanto en Cola de Ballena y Termoeléctrica, algunos puntos sobrepasaron los límites recomendados del TEL y ERL en cuanto a la concentración de mercurio (promedio 0.241 ± 0.071 y 0.144 ± 0.505). Además, la similitud de condiciones entre los diversos sitios de muestreo propone que una baja similitud entre las muestras pueda deberse a una perturbación ajena a las condiciones naturales del medio ambiente (Rai et al., 1981). Aunado a esto se puede apuntar hacia la presencia de una probable fuente de contaminación, en sitios de Cola de Ballena y Termoeléctrica. En primera instancia, se propone una posible causa de contaminación de mercurio presentada en estos dos sitios, y es que tomando en cuenta que tanto en sitio de Cola de Ballena y Termoeléctrica, no existen regiones mineras, distritos mineros o sitios de exploración, a los que se les pueda ser atribuido estos remanentes (SGM, 2021). Por otro lado, la contaminación por medio de agua residual resulta aún más relevante debido a la presencia de dos grandes factores que afectan ambos sitios. Por un lado, el sitio de Cola de Ballena se encuentra en la cercanía de un sitio de descarga de una planta de tratamiento de agua residual, que puede acarrear un sinnúmero de residuos con potencial contaminante como el mercurio. De acuerdo al Programa de las Naciones Unidas para el Medio Ambiente (PNUMA), las principales causas de contaminación antrópica de mercurio, es la implementación de minería artesanal, la producción de PVC, cemento, cloro alcalino, cremaciones e incineración de desechos, combustión estacionaria de carbón, combustibles, y gas como en equipos de calefacción local entre otros, por mencionar algunos de los factores

que pudieran estar presentes en la región (United Nations Environment Program (UNEP) and The Minamata Convention on Mercury, 2018). La quema de combustible es un problema real que afecta sobre todo el sitio Termoeléctrica, precisamente por las actividades de generación de energía eléctrica a partir de la quema de algunos hidrocarburos asociados a mercurio, como el combustóleo o carbón, donde es probable que se desprendan moléculas de mercurio (Gredilla et al., 2019; De Oliveira et al., 2022; Kostova et al., 2016).

Actualmente existen estudios ambientales que demuestran un incremento de concentraciones de mercurio en las cercanías de una planta termoeléctrica. En uno de ellos, se detectaron cambios significativos en la concentración de mercurio en sedimentos en una bahía en Chile, donde se compararon las concentraciones de mercurio con un sitio de referencia que está libre de zonas industriales. En este reporte relacionaron contenido de mercurio y distribución temporal, encontrando que los sedimentos del sitio perturbado presentaban un incremento del contaminante a través de los años, de acuerdo con la geocronología del ^{210}Pb . Además, se obtuvo evidencia de que el mercurio presente en el sitio perturbado era producto de la deposición atmosférica remanente de los residuos de la planta termoeléctrica, en comparación con las bajas concentraciones de origen natural obtenidas en el sitio libre de zonas industriales (Chandia et al., 2022). Similarmente se ha podido evidenciar la relación de la presencia de mercurio como parte de un impacto antrópico en sedimentos de algunos manglares en Tanzania cercanos a un sitio de descarga de drenaje municipal, lo que se demostró por valores de enriquecimiento altos en los sitios de estudio cercanos a las áreas más pobladas en comparación con otros sitios menos poblados (Rumisha et al., 2016). Así mismo, en un manglar en Bahía Concepción en Baja California Sur se determinaron concentraciones $233 \mu\text{g kg}^{-1}$ de mercurio en un sitio presuntamente afectado por desechos de fertilizantes en campos agrícolas cercanos a un manglar (Leal-Acosta et al., 2010).

Por otro lado, se reportó el siguiente orden de detección $PbrA > czcD > ArsB$ de genes de tolerancia a metales pesados. Estos genes se caracterizan por expresar bombas de eflujo, como parte de la exposición a altas concentraciones de metales pesados (Nies, 2003). Además, dado que las concentraciones de metales pesados en muestras de sedimento no sobrepasaron la mayoría de los límites permisibles para sedimentos de este tipo, se tendrían que considerar la presencia de las muestras positivas a estos genes, como parte de otro

método de dispersión y no necesariamente por la presencia de una presión selectiva. Por un lado, el gen *PbrA* perteneciente al operón *pbr* y ha sido ampliamente caracterizado en bacterias como *Rastonia metallidurans*, que es una bacteria inicialmente aislada de una mina en Bélgica, que presentaba alta tolerancia a metales pesados como plomo (Borremans et al., 2001; Dionísio y Borrego, 1995).

En el contexto de los manglares, entre los resultados reportados se pueden incluir los obtenidos en el Sur de China, donde a pesar de encontrar cantidades significativas del gen *PbrA*, no coincidía con altas concentraciones de metales pesados en el sitio (Meng et al., 2021). Por poner un ejemplo en el sitio con mayor abundancia de este gen, la concentración del Plomo era de 0.686 ± 0.086 , concentraciones menores a lo establecido en el ERL, TEL, ERM Y PEL. A su vez, aunque no existe suficiente bibliografía (dentro de la fecha y herramientas de motor de búsqueda utilizados durante la redacción del presente documento) en algunos trabajos se ha logrado aislar cepas bacterianas en manglares que presentan capacidad de tolerar concentraciones altas de As, como una cepa de *Bacillus thuringiensis* aislada en un manglar en Malasia que presentaba en su genoma el gen *ArsB* (Azami et al., 2022). Por otro lado, Dunivin y colaboradores (2019) analizaron microbiomas de suelo a partir de un grupo de genomas y metagenomas, donde consideraban factores como biogeografía del sitio donde se tomaron las muestras; en este estudio encontraron que los ecosistemas con un mayor número de genes relacionados al metabolismo del As se encontraban precisamente en los manglares, de acuerdo a los factores genéticos que se lograron determinar a partir de análisis de ortología y similitud (Dunivin et al., 2019). Por otro lado, la presencia del gen *czcD* (Tolerancia a Cd, Zn y Co) también se ha descrito su presencia en manglares, a partir de análisis metagenómico de la diversidad taxonómica bacteriana, así como a la presencia de genes de tolerancia a metales pesados. Además, se detectaron concentraciones altas de zinc en algunos puntos en un manglar en la India; aun cuando no se discute la relación entre la concentración de Zn y los elementos genéticos (Puthusseri et al., 2021). De la misma manera, Cabral y colaboradores (2016) evaluaron el impacto en la microbiota de tres sitios en el Estado de San Pablo, Brasil. El principal foco de contraste en ese estudio fue la clasificación de los sitios como; manglar contaminado ampliamente por un derrame de petróleo, manglar contaminado por actividades humanas y manglar poco afectado en una zona prístina. A partir del desarrollo de metagenómica y

metatranscriptómica, lograron registrar la presencia de elementos genéticos de resistencia, además de la presunta transcripción de los mismos a partir del análisis de transcriptómica. Los resultados muestran que la abundancia relativa de genes que confieren resistencia a Cobalto-Zinc-Cadmio (*czcR*, *czcD*, *czcB* y *czcC*), fue similar en los tres sitios (10-20%); no obstante, los niveles de expresión de acuerdo al análisis de transcriptómica eran mayores en el sitio que se veía afectado por el derrame de petróleo, seguido del sitio con actividades antropogénicas y por último el sitio al que denominaron como prístino (Cabral et al., 2016).

Muchos de estos factores genéticos de tolerancia a metales pesados, no necesariamente se encontraban relacionados con una inminente presencia de daño o factores de riesgo tanto para el ecosistema como para la biota dependiente de ellos. Además, los resultados del presente trabajo de bajas concentraciones de metales pesados en sedimentos de manglar, puede seguir considerando la posibilidad de la adquisición de estos elementos genéticos como reservorio por parte de algunos microorganismos como mecanismo de una ventaja competitiva (Booth, 2018).

VIII. CONCLUSIONES

- Se determinaron indicadores de contaminación fecal en ambos ecosistemas, en la mayoría de los casos con un perfil de multirresistencia a antibióticos.
- Se obtuvieron 6 aislados presuntamente de cepas de *Aeromonas* spp., 5 de estas cepas en manglares, 4 con perfil de multirresistencia y 1 cepa en el río Conchos también con un perfil de multiresistencia.
- Se determinaron concentraciones de metales pesados por debajo de los límites permitidos para riesgo ecológico dentro de las normas pertinentes para cada ecosistema en la mayoría de las muestras y elementos, a excepción de mercurio en algunos puntos de Río Conchos, sitio Cola de Ballena y sitio Termoeléctrica.
- Los parámetros fisicoquímicos del agua superficial del río Conchos, mostraron en su mayoría niveles permitidos dentro de lo establecido en las normas correspondientes, a excepción de algunos sitios puntos en la zona desértica.
- Se aislaron 114 cepas multirresistentes a antibióticos en los manglares árido tropicales de Baja California Sur, donde 84 pertenecieron al sitio de Cola de Ballena, 24 a Termoeléctrica, 5 a Banderitas y 1 a Estero Zacatecas. Además, el perfil de multirresistencia más común fue ampicilina, cloranfenicol y cefotaxima.
- El antibiótico al que más resistencia presentaron los aislados multirresistentes fue a cefotaxima.
- El elemento genético de resistencia con más abundancia detectado en los aislados multirresistentes fue el gen *tetA*.
- Se lograron identificar por medio de secuenciación del gen 16S Ribosomal 43 cepas multirresistentes, en su gran mayoría cepas del género *Bacillus* spp.
- El elemento genético de resistencia con más abundancia detectado en las muestras de sedimento fue el gen *Sul2*, y poco más de la mitad de las muestras positivas fueron en la profundidad de 15 cm.

IX. RECOMENDACIONES

- Búsqueda de nuevos bioindicadores o aplicación de técnicas moleculares para identificar origen real de los bioindicadores.
- Análisis tanto de sedimentos como de agua y mayor número de repeticiones.
- Implementación de métodos analíticos más sensibles como espectrofotometría de absorción atómica, para proponer concentraciones representativas del ecosistema, para comparación en evaluaciones a futuro.
- Análisis de isótopos para determinar el origen de algunos metales pesados como el mercurio.
- Identificación de moléculas de origen antrópico de mayor peso molecular por medio de otras herramientas de química analítica.
- Identificación y caracterización de micro plásticos y determinar cómo favorecen la diseminación de indicadores de estrés antropogénico.
- Análisis genómicos y proteómicos masivos, para comparar a través de temporadas, puntos o sitios.

X. REFERENCIAS

- Alebouyeh, M., Gooran Orimi, P., Azimi-rad, M., Tajbakhsh, M., Tajeddin, E., Jahani Sherafat, S., Nazemalhosseini Mojarad, E., y Zali, M. (2011). Fatal sepsis by *Bacillus circulans* in an immunocompromised patient. *Iran Journal of Microbiology*, 3(3):156-158
- Alzubaidy, H., Essack, M., Malas, T. B., Bokhari, A., Motwalli, O., Kamanu, F. K., Jamhor, S. A., Mokhtar, N. A., Antunes, A., Simões, M. F., Alam, I., Bougouffa, S., Lafi, F. F., Bajic, V. B., y Archer, J. A. C. (2016). Rhizosphere microbiome metagenomics of gray mangroves (*Avicennia marina*) in the Red Sea. *Gene*, 576(2), 626–636. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2015.10.032>
- Anderson, E. P., Jackson, S., Tharme, R. E., Douglas, M., Flotemersch, J. E., Zwarteveen, M., Lokgariwar, C., Montoya, M., Wali, A., Tipa, G. T., Jardine, T. D., Olden, J. D., Cheng, L., Conallin, J., Cosens, B., Dickens, C., Garrick, D., Groenfeldt, D., Kabogo, J., y Arthington, A. H. (2019). Understanding rivers and their social relations: A critical step to advance environmental water management. *Wiley Interdisciplinary Reviews: Water*, 6(6), e1381 <https://doi.org/10.1002/wat2.1381>
- Ani, C. J., y Robson, B. (2021). Responses of marine ecosystems to climate change impacts and their treatment in biogeochemical ecosystem models. *Marine Pollution Bulletin*, 166, 112223. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2021.112223>
- Anjum, H., Arefin, M. S., Jahan, N., Oishee, M. J., Nahar, S., Islam, S., Banerjee, S., Sinha, S., Kumar, S., Haque, M., y Rahman, M. H. (2023). Roles of intrinsic and acquired resistance determinants in multidrug-resistant clinical *Pseudomonas aeruginosa* in Bangladesh. *Bangladesh Journal of Medical Science*, 22(3), 489–507. <https://doi.org/10.3329/bjms.v22i3.66960>
- Annamalai, N., Manivasagan, P., Balasubramanian, T., y Vijayalakshmi, S. (2009). Enterocin from *Enterococcus faecium* isolated from mangrove environment. *African Journal of Biotechnology*, 8(22), 6311–6316. <https://doi.org/10.5897/AJB2009.000-9478>
- Arumugam, G., Rajendran, R., Ganesan, A., y Sethu, R. (2018). Bioaccumulation and translocation of heavy metals in mangrove rhizosphere sediments to tissues of *Avicennia marina* – A field study from tropical mangrove forest. *Environmental Nanotechnology, Monitoring and Management*, 10, 272–279. <https://doi.org/10.1016/j.enmm.2018.07.005>
- Asif, N., y Chaudhry, M. F. (2018). A Review of on Environmental Pollution Bioindicators. *Pollution*, 4(1), 111–118. <https://doi.org/10.22059/poll.2017.237440.296>
- Astudillo-García, C., Hermans, S. M., Stevenson, B., Buckley, H., y Lear, G. (2019). Microbial assemblages and bioindicators as proxies for ecosystem Health status: Potential and Limitations. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 103(16), 6407-6421. <https://doi.org/10.1007/s00253-019-09963-0>

- Azami, N. A., Lau, N. S., y Furusawa, G. (2022). Genome sequence data of *Bacillus* sp. CCB-MMP212 isolated from Malaysian mangrove: A potential strain in arsenic resistance with ArsI, C•As lyase. *Data in Brief*, 45, 108597. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2022.108597>
- Baba, T., Kuwahara-Arai, K., Uchiyama, I., Takeuchi, F., Ito, T., y Hiramatsu, K. (2009). Complete genome sequence of *Macrococcus caseolyticus* strain JSCS5402, reflecting the ancestral genome of the human-pathogenic staphylococci. *Journal of Bacteriology*, 191(4), 1180–1190. <https://doi.org/10.1128/JB.01058-08>
- Badri, D. V., y Vivanco, J. M. (2008). Regulation and function of root exudates. *Plant Cell and Environment*, 32(6), 666-681. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3040.2009.01926.x>
- Bae, S. S., Lee, J. H., y Kim, S. J. (2005). *Bacillus alveayuensis* sp. nov., a thermophilic bacterium isolated from deep-sea sediments of the Ayu Trough. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 55(3), 1211–1215. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63424-0>
- Bailey, J. K., Pinyon, J. L., Anantham, S., y Hall, R. M. (2010). Commensal *Escherichia coli* of healthy humans: A reservoir for antibiotic-resistance determinants. *Journal of Medical Microbiology*, 59(11), 1331–1339. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.022475-0>
- Begum, A., y Yasmin Shilpi, R. (2022). Analysis of antibiotic resistance of bacteria in the soil of Sundarbans mangrove forest. *Bangladesh International Journal of Advanced Research in Biological Sciences* 9(2), 98–104. <https://doi.org/10.22192/ijarbs>
- Bello-López, J. M., Cabrero-Martínez, O. A., Ibáñez-Cervantes, G., Hernández-Cortez, C., Pelcastre-Rodríguez, L. I., Gonzalez-Avila, L. U., y Castro-Escarpulli, G. (2019). Horizontal gene transfer and its association with antibiotic resistance in the genus *Aeromonas* spp. *Microorganisms*, 7(9), 363 <https://doi.org/10.3390/microorganisms7090363>
- Belloso Daza, M. V., Almeida-Santos, A. C., Novais, C., Read, A., Alves, V., Cocconcelli, P. S., Freitas, A. R., y Peixe, L. (2022). Distinction between *Enterococcus faecium* and *Enterococcus lactis* by a gluP PCR-Based Assay for Accurate Identification and Diagnostics. *Microbiology Spectrum*, 10(6), e03268-22. <https://doi.org/10.1128/spectrum.03268-22>
- Benoit, J. M., Gilmour, C. C., Mason, R. P., Riedel, G. S., y Riedel, G. F. (1998). Behavior of mercury in the Patuxent river estuary. *Biogeochemistry*, 40(2–3), 249–265. <https://doi.org/10.1023/a:1005905700864>
- Bhaskar, N., Sudeepa, E. S., Rashmi, H. N., y Tamil Selvi, A. (2007). Partial purification and characterization of protease of *Bacillus proteolyticus* CFR3001 isolated from fish processing waste and its antibacterial activities. *Bioresource Technology*, 98(14), 2758–2764. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2006.09.033>

- Bhattacharyya, A., Haldar, A., Bhattacharyya, M., y Ghosh, A. (2019). Anthropogenic influence shapes the distribution of antibiotic resistant bacteria (ARB) in the sediment of Sundarban estuary in India. *Science of the Total Environment*, 647, 1626–1639. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.08.038>
- Biggel, M., Nüesch-Inderbinen, M., Raschle, S., Stevens, M. J. A., y Stephan, R. (2021). Spread of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* ST133 in the aquatic environment in Switzerland. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 27, 31–36. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2021.08.002>.
- Blaber, S. J. (2000). Tropical estuarine fishes: Ecology, exploitation and conservation. Fish and Aquatic Resources Series 7. Blackwell Science. 372. <https://doi.org/10.1002/9780470694985>
- Bohmann, K., Evans, A., Gilbert, M. T. P., Carvalho, G. R., Creer, S., Knapp, M., Yu, D. W., y de Bruyn, M. (2014). Environmental DNA for wildlife biology and biodiversity monitoring. *Trends in Ecology and Evolution*, 29(6), 358–367 <https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.04.003>
- Booth, J. (2018). Ecology of the Mangrove Microbiome. Tesis Doctoral King Abdullah University of Science and Technology. KAUST Research Repository. <https://doi.org/http://hdl.handle.net/10754/628044>
- Borrego, J. J., Morigo, M. A., De Vicente, A., Cornax, R., y Romero, P. (1987). Coliphages as an indicator of faecal pollution in water. its relationship with indicator and pathogenic microorganisms. *Water Research*, 21(12), 1473-1480. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0043-1354\(87\)90130-8](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0043-1354(87)90130-8)
- Borremans, B., Hobman, J. L., Provoost, A., Brown, N. L., y Van Der Lelie, D. (2001). Cloning and functional analysis of the PBR lead resistance determinant of *Ralstonia Metallidurans* CH34. *Journal of Bacteriology*, 183(19), 5651-5658. <https://doi.org/10.1128/jb.183.19.5651-5658.2001>
- Bouchez, T., Bliex, A. L., Dequiedt, S., Domaizon, I., Dufresne, A., Ferreira, S., Godon, J. J., Hellal, J., Joulain, C., Quaiser, A., Martin-Laurent, F., Mauffret, A., Monier, J. M., Peyret, P., Schmitt-Koplin, P., Sibourg, O., D'oiron, E., Bispo, A., Deportes, I., y Ranjard, L. (2016). Molecular microbiology methods for environmental diagnosis. *Environmental Chemistry Letters*, 14(4), 423–441. <https://doi.org/10.1007/s10311-016-0581-3>
- Braïek, B. O., Morandi, S., Cremonesi, P., Smaoui, S., Hani, K., y Ghrairi, T. (2018). Biotechnological potential, probiotic and safety properties of newly isolated enterocin-producing *Enterococcus lactis* strains. *LWT*, 92, 361–370. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2018.02.045>
- Brenciani, A., Morroni, G., Vincenzi, C., Manso, E., Mingoia, M., Giovanetti, E., y Varaldo, P. E. (2015). Detection in Italy of two clinical *Enterococcus faecium* isolates carrying

- both the oxazolidinone and phenicol resistance gene OPTR and a silent multiresistance gene CFR. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 71(4), 1118-1119. <https://doi.org/10.1093/jac/dkv438>
- Brodsky, M.H., y Schiemann, D.A. (1976). Evaluation of Pfizer selective enterococcus and KF media for recovery of fecal streptococci from water by membrane filtration. *Applied and Environmental Microbiology*, 31(5), 695-699. <https://10.1128/aem.31.5.695-699.1976>.
- Brucker. (2020). TXRF Sample Preparation of Particles. <https://www.youtube.com/watch?v=pNeDGY-H5nA>. Consultado 15 de Abril de 2023
- Buchman, M. F. (1999). NOAA screening quick reference tables (No. 99-1). Consultado 15 Marzo de 2023
- Buonocore, E., Donnarumma, L., Appolloni, L., Miccio, A., Russo, G. F., y Franzese, P. P. (2020). Marine natural capital and ecosystem services: An environmental accounting model. *Ecological Modelling*, 424, 109029. <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2020.109029>
- Cabral, L., Júnior, G. V. L., Pereira de Sousa, S. T., Dias, A. C. F., Lira Cadete, L., Andreote, F. D., Hess, M., y De Oliveira, V. M. (2016). Anthropogenic impact on mangrove sediments triggers differential responses in the heavy metals and antibiotic resistomes of microbial communities. *Environmental Pollution*, 216, 460-469. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2016.05.078>
- Castagnola, E., Conte, M., Venzano, P., Garaventa, A., Viscolp, C., Barretta, M. A., Pescetto, L., Tasso, L., Nantron, M., Milanaccio, C., y Giacchino, R. (1997). Broviac catheter-related bacteraemias due to unusual pathogens in children with cancer: Case Reports with Literature Review. *Journal of Infection*, 34(3), 215-218. [https://doi.org/10.1016/s0163-4453\(97\)94199-2](https://doi.org/10.1016/s0163-4453(97)94199-2)
- Ceccon, D. M., Faoro, H., Lana, P. da C., de Souza, E. M., y Oliveira Pedrosa, F. (2019). Metataxonomic and metagenomic analysis of mangrove microbiomes reveals community patterns driven by salinity and pH gradients in Paranaguá Bay, Brazil. *Science of the Total Environment*, 694, 133609. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.133609>
- Cercenado, E. (2011). Enterococcus: resistencias fenotípicas y genotípicas y epidemiología en España. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 29, 59-65. [https://doi.org/10.1016/S0213-005X\(11\)70045-3](https://doi.org/10.1016/S0213-005X(11)70045-3)
- Cergole Novella, M. C., Pignatari, A. C. C., Castanheira, M., y Guth, B. E. C. (2011). Molecular typing of antimicrobial-resistant Shiga-toxin-producing *Escherichia coli* strains (STEC) in Brazil. *Research in Microbiology*, 162(2), 117-123. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2010.09.022>

- Cetinkaya, Y., Falk, P., y Mayhall, C. G. (2000). Vancomycin-Resistant Enterococci. *Clinical Microbiology Reviews*, 13(4), 686–707. <https://doi.org/https://doi.org/10.1128/cmr.13.4.686>
- Chandia, C., Salamanca, M., Hernández, A., y Urrutia, R. (2022). Sediment mercury concentration changes as a response to increased industrial activity in Coronel Bay, Chile. *Marine Pollution Bulletin*, 178, 113630. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2022.113630>
- Chapman, J. S. (2003). Disinfectant resistance mechanisms, cross-resistance, and co-resistance. *International Biodeterioration and Biodegradation*, 51(4), 271–276. [https://doi.org/10.1016/S0964-8305\(03\)00044-1](https://doi.org/10.1016/S0964-8305(03)00044-1)
- Chung, S. Y., Venkatramanan, S., Park, N., Ramkumar, T., Sujitha, S. B., y Jonathan, M. P. (2016). Evaluation of physico-chemical parameters in water and total heavy metals in sediments at Nakdong River Basin, Korea. *Environmental Earth Sciences*, 75(1), 1–12. <https://doi.org/10.1007/s12665-015-4836-2>
- CLSI. (2022). *Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing: Vol. CLSI M100* (CLSI, Ed.; ED32 ed.).
- CONABIO. (2020). Extensión y distribución de manglares. <https://www.biodiversidad.gob.mx/monitoreo/smmm/extensiondist>. Consultado 15 de Noviembre de 2021
- CONABIO. (2021). Manglares. <https://www.biodiversidad.gob.mx/ecosistemas/manglares>. Consultado 15 Junio 2022.
- CONABIO. (2023). Cuenca alta del Río Conchos. http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/regionalizacion/doctos/rhp_039.html#:~:Text=Biodiversidad%3A%20tipos%20de%20vegetaci%C3%B3n%3A%20pastizal,De%20encino%20y%20vegetaci%C3%B3n%20hal%C3%B3fila. Consultado 15 de Noviembre de 2023
- CONABIO. (2023). Cuenca baja del Río Conchos. http://www.conabio.gob.mx/conocimiento/regionalizacion/doctos/rhp_041.html. Consultado 15 de Junio de 2022
- Conde-Cid, M., Núñez-Delgado, A., Fernández-Sanjurjo, M. J., Álvarez-Rodríguez, E., Fernández-Calviño, D., y Arias-Estévez, M. (2020). Tetracycline and sulfonamide antibiotics in soils: Presence, fate and environmental risks. *Processes*, 8(11), 1479. <https://doi.org/10.3390/pr8111479>
- Courvalin, P. (2006). Vancomycin Resistance in Gram-Positive Cocci. *Clinical Infectious Diseases*, 42(S1), S25-S34. <https://doi.org/10.1086/491711>
- Crowther, J., Kay, D., y Wyer, M. D. (2002). Faecal-indicator concentrations in waters draining lowland pastoral catchments in the UK: relationships with land use and farming

practices. *Water Research*, 36(7), 1725-1734.
[https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0043-1354\(01\)00394-3](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0043-1354(01)00394-3)

- Da Silva Fernandes, M., Fujimoto, G., Schneid, I., Kabuki, D. Y., y Kuaye, A. Y. (2014). Enterotoxigenic profile, antimicrobial susceptibility, and biofilm formation of *Bacillus cereus* isolated from ricotta processing. *International Dairy Journal*, 38(1), 16–23. <https://doi.org/10.1016/j.idairyj.2014.03.009>
- Dahdouh-Guebas, F. (2011). World Atlas of Mangroves: Mark Spalding, Mami Kainuma and Lorna Collins (eds). *Human Ecology*, 39(1), 107–109. <https://doi.org/10.1007/s10745-010-9366-7>
- Dahdouh-Guebas, F. (2013). Les biens et services écosystémiques: l'exemple des mangroves. In Vers une nouvelle synthèse écologique: de l'écologie scientifique au développement durable (pp. 182-193). entre International pour la Ville, l'Architecture et le paysage, Belgique
- Daniels., N. A., y Shafaie, A. (2000). A review of pathogenic *Vibrio* infections for clinicians. *Infections in medicine*, 17(10), 665-685.
- Das, P., Mukherjee, S., y Sen, R. (2008). Antimicrobial potential of a lipopeptide biosurfactant derived from a marine *Bacillus circulans*. *Journal of Applied Microbiology*, 104(6), 1675–1684. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2007.03701.x>
- De la Maza Benignos., M. (2009). Los peces del Río Conchos. Alianza World Wildlife Fund-Fundación Gonzalo Río Arronte.
- De Oliveira, J. R., Vasques, I. C., De Lima, F. R. D., Job, M. T. P., Carvalho, G. S., De Oliveira, T. S., y Marques, J. J. (2022). Synthesis and characterization of adsorbent materials for the retention of elemental mercury from contaminated tropical soils. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 20(6), 6221-6232. <https://doi.org/10.1007/s13762-022-04403-5>
- Dennesen, P. J. W., Bonten., M. J. M., y Weinstein., R. A. (1998). Multiresistant bacteria as a hospital epidemic problem. *Annals of Medicine*, 30(2), 176-185. <https://doi.org/10.3109/07853899808999401>
- Derek, F. J. Brown., y E. Reynolds. (1980). Intrinsic resistance to β -lactam antibiotics in *Staphylococcus aureus*. *FEBS Letters*. 122(2), 275-278. [https://doi.org/10.1016/0014-5793\(80\)80455-8](https://doi.org/10.1016/0014-5793(80)80455-8)
- Dionísio, L., y Borrego, J. J. (1995). Evaluation of media for the enumeration of faecal streptococci from natural water samples. *Journal of Microbiological Methods*, 23(2), 183–203. [https://doi.org/10.1016/0167-7012\(95\)00014-c](https://doi.org/10.1016/0167-7012(95)00014-c)
- Doi, Y., Wachino, J. ichi, y Arakawa, Y. (2016). Aminoglycoside Resistance: The Emergence of Acquired 16S Ribosomal RNA Methyltransferases. *Infectious Disease Clinics of North America*, 30(2), 523–537. <https://doi.org/10.1016/j.idc.2016.02.011>

- Drobniewski, F. A. (1993). *Bacillus cereus* and Related Species. *Clinical Microbiology Reviews*, 6(4), 324-338. <https://doi.org/10.1128/CMR.6.4.324>.
- Du, L., y Liu, W. (2012). Occurrence, fate, and ecotoxicity of antibiotics in agro-ecosystems. A review. *Agronomy for Sustainable Development* 32(2), 309-327. <https://doi.org/10.1007/s13593-011-0062-9>
- Duke, N. C., y Schmitt, K. (2016). *Mangroves: unusual forests at the seas' edge*. Springer eBooks (pp. 1693-1724). https://doi.org/10.1007/978-3-642-54601-3_129
- Dunivin, T. K., Yeh, S. Y., y Shade, A. (2019). A global survey of arsenic-related genes in soil microbiomes. *BMC Biology*, 17(1), 45. <https://doi.org/10.1186/s12915-019-0661-5>
- Ebmeyer, S., Kristiansson, E., y Larsson, D. G. J. (2021). A framework for identifying the recent origins of mobile antibiotic resistance genes. *Communications Biology*, 4(1), 8. <https://doi.org/10.1038/s42003-020-01545-5>
- Enne, V. I., Delsol, A. A., Roe, J. M., y Bennett, P. M. (2006). Evidence of antibiotic resistance gene silencing in *Escherichia coli*. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 50(9). 3003–3010. <https://doi.org/10.1128/AAC.00137-06>
- Espigares, E., Bueno, A., Espigares, M., y Gálvez, R. (2006). Isolation of *Salmonella* serotypes in wastewater and effluent: Effect of treatment and potential risk. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 209(1), 103–107. <https://doi.org/10.1016/j.ijheh.2005.08.006>
- Farias, P., Espírito Santo C., Branco R., Francisco R., Santos S., Hansen L., Sorensen S., y Morais P.V. (2015). Natural hot spots for gain of multiple resistances: arsenic and antibiotic resistances in heterotrophic, aerobic bacteria from marine hydrothermal vent fields. *Applied and Environmental Microbiology*, 81(7), 2534-43. <https://doi.org/10.1128/AEM.03240-14>
- Farthing, L. A. (2013). Acute diarrhea in adults and children: a global perspective. *Journal of Clinical Gastroenterology*, 47(1), 12–20. <https://doi.org/10.1097/MCG.0b013e31826df662>.
- Fekih, I. ben, Zhang, C., Li, Y. P., Zhao, Y., Alwathnani, H. A., Saquib, Q., Rensing, C., y Cervantes, C. (2018). Distribution of arsenic resistance genes in prokaryotes. *Frontiers in Microbiology*, 9, 2473. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02473>
- Felisart, J., Rimola, A., Arroyo, V., Perez-Ayuso, R. M., Quintero, E., Gines, P., y Rodes, J. (1985). Cefotaxime is more effective than is ampicillin-tobramycin in cirrhotics with severe infections. *Hepatology*, 5(3), 457–462. <https://doi.org/10.1002/hep.1840050319>
- Félix Pico, E.F., Zaragoza E.S., Riosmena, R., Leon De La Luz, J.L. (2011). Los manglares de la península de Baja California. In Elisa Serviere Zaragoza, Rafael Riosmena Rodríguez, Esteban Fernando Félix Pico, y José Luis León de La Luz. (Eds.), *Los*

Manglares de la Península de Baja California 1(1). Publicación de divulgación del Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste.

- Fernández-Bravo, A., y Figueras, M. J. (2020). An update on the genus *Aeromonas*: Taxonomy, epidemiology, and pathogenicity. *Microorganisms*, 8(1), 129. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8010129>
- Fierros-Romer, G., Gómez-Ramírez, M., Arenas-Isaac, G. E., Pless, R. C., y Rojas-Avelizapa, N. G. (2016). Identification of *Bacillus megaterium* and *Microbacterium liquefaciens* genes involved in metal resistance and metal removal. *Canadian Journal of Microbiology*, 62(6), 505–513. <https://doi.org/10.1139/cjm-2015-0507>
- Figueira, V., Vaz-Moreira, I., Silva, M., y Manaia, C. M. (2011). Diversity and antibiotic resistance of *Aeromonas* spp. in drinking and waste water treatment plants. *Water Research*, 45(17), 5599–5611. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2011.08.021>
- Fisher, B., Turner, K., Zylstra, M., Brouwer, R., De Groot, R., Farber, S., Ferraro, P., Green, R., Hadley, D., Harlow, J., Jefferiss, P., Kirkby, C., Morling, P., Mowatt, S., Naidoo, R., Paavola, J., Strassburg, B., Yu, D., y Balmford, A. (2008). Ecosystem services and economic theory: integration for policy-relevant research. *Ecological Applications* 18(8), 2050-2067. <https://doi.org/https://doi.org/10.1890/07-1537.1>
- Flach, C. F., Pal, C., Svensson, C. J., Kristiansson, E., Östman, M., Bengtsson-Palme, J., Tysklind, M., y Larsson, D. G. J. (2017). Does antifouling paint select for antibiotic resistance?. *Science of the Total Environment*, 590–591, 461–468. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2017.01.213>
- Flahaut, S., Hartke, A., Giard, J.C., y Auffray, Y. (1997). Alkaline Stress Response in *Enterococcus faecalis*: Adaptation, Cross-Protection, and Changes in Protein Synthesis. *Applied and Environmental Microbiology*. 63(2), 812-814. <https://doi.org/10.1128/aem.63.2.812-814.1997>.
- Flores Magallanes, A. (2022). Evaluación del impacto ambiental generado por actividades antropogénicas a través del monitoreo de bacterias resistentes a antibióticos, en manglares del puerto de San Carlos baja california sur, México [Tesis de Licenciatura]. Universidad Autónoma de Chihuahua.
- Fluit, A., y Schmitz, F. J. (1999). Class 1 integrons, gene cassettes, mobility, and epidemiology. *European Journal of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 18, 761-770. <https://doi.org/10.1007/s100960050398>
- Forstner, U., y Wittman, G. T. (1982). *Metal Pollution in the Aquatic Environment*. Springer Verlag. 480 p
- Friess, D. A., Rogers, K., Lovelock, C. E., Krauss, K. W., Hamilton, S. E., Lee, S. Y. y Shi, S. (2019). The State of the World's Mangrove Forests: Past, Present, and Future. *Annual Review of Environment and Resources*, 44(1), 89-115. <https://doi:10.1146/annurev-environ-101718-033302>

- Frost, L. S., Leplae, R., Summers, A. O., y Toussaint, A. (2005). Mobile genetic elements: The agents of open source evolution. *Nature Reviews Microbiology*. 3(9), 722–732. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1235>
- Furtado, G. L., y Medeiros, A. A. (1980). Single-Disk Diffusion Testing (Kirby-Bauer) of Susceptibility of *Proteus mirabilis* to chloramphenicol: Significance of the Intermediate Category. *Journal of Clinical Microbiology*. 12(4), 550-553. <https://doi.org/10.1128/jcm.12.4.550-553.1980>
- Galparsoro, I., Borja, A., y Uyarra, M. C. (2014). Mapping ecosystem services provided by benthic habitats in the European North Atlantic Ocean. *Frontiers in Marine Science*, 1, 23. <https://doi.org/10.3389/fmars.2014.00023>
- Gao, P., Mao, D., Luo, Y., Wang, L., Xu, B., y Xu, L. (2012). Occurrence of sulfonamide and tetracycline-resistant bacteria and resistance genes in aquaculture environment. *Water Research*, 46(7), 2355–2364. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2012.02.004>
- García-Solache, M., y Rice, L. B. (2019). The enterococcus: A model of adaptability to its environment. *Clinical Microbiology Reviews*, 32(2), e00058-
<https://doi.org/10.1128/CMR.00058-18>
- GECH. (2019). Lidera Chihuahua producción nacional en 10 cultivos (Chihuahua leads the national production in 10 crops). Chihuahua (Mexico): Gobierno del Estado de Chihuahua. <Http://Www.Chihuahua.Gob.Mx/Contenidos/Lidera-Chihuahua-Produccion-Nacion-al-En-10-Cultivos>. Consultado 1 de Marzo de 2023.
- Genilloud, O. (2017). Actinomycetes: still a source of novel antibiotics. *Natural Product Reports*, 34(10), 1203–1232. <https://doi.org/10.1039/c7np00026j>
- George, A. M., y Hall, R. M. (2002). Efflux of chloramphenicol by the CmlA1 protein. *FEMS Microbiology Letters*, 209(2), 209-213. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2002.tb11133.x>
- Ghaderpour, A., Ho, W. S., Chew, L. L., Bong, C. W., Chong, V. C., Thong, K. L., y Chai, L. C. (2015). Diverse and abundant multi-drug resistant *E. coli* in Matang mangrove estuaries, Malaysia. *Frontiers in Microbiology*, 6, 977. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00977>
- Ghoul, M., Pommepuy, M., Moillo-Batt, A., y Cormier, M. (1989). Effect of Carbonyl cyanide M-chlorophenylhydrazone on *Escherichia coli* halotolerance. *Applied and Environmental Microbiology*, 55(4), 1040-1043. <https://doi.org/10.1128/aem.55.4.1040-1043.1989>
- Gillings, M. R. (2014). Integrons: Past, Present, and Future. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 78(2), 257–277. <https://doi.org/10.1128/mnbr.00056-13>
- Goering, R. V., Swartzendruber, E. A., Obradovich, A. E., Tickler, I. A., y Tenover, F. C. (2019). Emergence of oxacillin resistance in stealth methicillin-resistant *Staphylococcus*

- aureus* due to *mecA* sequence instability. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 63(8), e00558-19. <https://doi.org/10.1128/AAC.00558-19>
- González Velázquez, R. I. (2020). Factores que influyen en las entregas del Tratado de Aguas de 1944. El caso del río Conchos, periodo 1992-2020 [Factors that influence the deliveries of the 1944 Water Treaty: the case of the Río Conchos, period 1992-2020] [thesis]. El Colegio de la Frontera Norte.
- Gootz, T. D., Lescoe, M. K., Dib-Hajj, F., Dougherty, B. A., He, W., Della-Latta, P., y Huard, R. C. (2009). Genetic organization of transposase regions surrounding *bla*KPC carbapenemase genes on plasmids from *Klebsiella* strains isolated in a New York City Hospital. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 53(5), 1998–2004. <https://doi.org/10.1128/AAC.01355-08>
- Gredilla, A., Fdez-Ortiz de Vallejuelo, S., Rodriguez-Iruretagoiena, A., Gomez, L., Oliveira, M. L. S., Arana, G., de Diego, A., Madariaga, J. M., y Silva, L. F. O. (2019). Evidence of mercury sequestration by carbon nanotubes and nanominerals present in agricultural soils from a coal fired power plant exhaust. *Journal of Hazardous Materials*, 378, 120747 . <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2019.120747>
- Guo, J., Wang, Y. qiang, Yang, G., Chen, Y., Zhou, S., Zhao, Y., y Zhuang, L. (2016). *Bacillus nitroreducens* sp. nov., a humus-reducing bacterium isolated from a compost. *Archives of Microbiology*, 198(4), 347–352. <https://doi.org/10.1007/s00203-016-1193-9>
- Guo, W., Wu, H., Zhang, Z., Yang, C., Hu, L., Shi, X., Jian, S., Shi, S., y Huang, Y. (2017). Comparative analysis of transcriptomes in Rhizophoraceae provides insights into the origin and adaptive evolution of mangrove plants in intertidal environments. *Frontiers in Plant Science*, 8, 795. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00795>
- Gupta, R. S., Patel, S., Saini, N., y Chen, S. (2020). Robust demarcation of 17 distinct bacillus species clades, proposed as novel *Bacillaceae* genera, by phylogenomics and comparative genomic analyses: Description of *robertmurraya kyonggiensis* sp. nov. and proposal for an emended genus *Bacillus* limiting it only to the members of the *subtilis* and *cereus* clades of species. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70(11), 5753–5798. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.004475>
- Gutell, R. R., Weher, B., Woese, C. R. y Nolleh, H. F. (1985). Comparative Anatomy of 16-S-like Ribosomal RNA. *Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology*, 32, 155-216. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0079-6603\(08\)60348-7](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0079-6603(08)60348-7)
- Häder, D. P., Banaszak, A. T., Villafaña, V. E., Narvarte, M. A., González, R. A., y Helbling, E. W. (2020). Anthropogenic pollution of aquatic ecosystems: Emerging problems with global implications. In *Science of the Total Environment*. 713, 136586. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.136586>

- Haines-Young, R., y Potschin-Young, M. B. (2018). Revision of the common international classification for ecosystem services (CICES V5.1): A policy brief. *One Ecosystem*, 3, e27108. <https://doi.org/10.3897/oneeco.3.e27108>
- Hall, T. A. (1999). BioEdit: A User-Friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series*, 41, 95–98.
- Hamidian, M., y Hall, R. M. (2013). ISAbal targets a specific position upstream of the intrinsic ampC gene of *Acinetobacter baumannii* leading to cephalosporin resistance. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*. 68(11), 2682–2683. <https://doi.org/10.1093/jac/dkt233>
- Hartmann, A., Locatelli, A., Amoureux, L., Depret, G., Jolivet, C., Gueneau, E., y Neuwirth, C. (2012). Occurrence of CTX-M producing *Escherichia coli* in soils, cattle, and farm environment in France (Burgundy region). *Frontiers in Microbiology*, 3, 83. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2012.00083>
- He, N., Su, S., Ye, Z., Du, G., He, B., Li, D., Liu, Y., Yang, K., Zhang, X., Zhang, Y., Chen, X., Chen, Y., Chen, Z., Dong, Y., Du, G., Gu, J., Guo, D., Guo, R., Hu, X., Zhai, S. (2020). Evidence-based Guideline for Therapeutic Drug Monitoring of Vancomycin: 2020 Update by the Division of Therapeutic Drug Monitoring, Chinese Pharmacological Society. *Clinical Infectious Diseases*, 71(4), S363–S371. <https://doi.org/10.1093/cid/ciaa1536>
- Hlady, W. G., y Klontz, K. C. (1996). The Epidemiology of *Vibrio* Infections in Florida, 1981–1993. *The Journal of Infectious Diseases* 173(5), 1176–1183 <https://doi.org/10.1093/infdis/173.5.1176>
- Ho, J. Y., Jong, M. C., Acharya, K., Liew, S. S. X., Smith, D. R., Noor, Z. Z., Goodson, M. L., Werner, D., Graham, D. W., y Eswaran, J. (2021). Multidrug-resistant bacteria and microbial communities in a river estuary with fragmented suburban waste management. *Journal of Hazardous Materials*, 405, 124687. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.124687>
- Hoa Phuong, P. T., Nonaka, L., Hung Viet, P., y Suzuki, S. (2008). Detection of the sul1, sul2, and sul3 genes in sulfonamide-resistant bacteria from wastewater and shrimp ponds of north Vietnam. *Science of The Total Environment*, 405(1–3), 377–384. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2008.06.023>
- Holgum (2006). Water quality of the río Conchos in the region of Ojinaga, Chihuahua: physico-chemical parameters, metals and metalloids. *Universidad y Ciencia*, 22(1), 1–51.
- Holt, E.A. y Miller, S.W. (2010). Bioindicators: Using Organisms to Measure Environmental Impacts. *The Nature Education*, 3(10):8.
- Huddleston, J. R., Zak, J. C., y Jeter, R. M. (2006). Antimicrobial susceptibilities of *Aeromonas* spp. isolated from environmental sources. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(11), 7036–7042. <https://doi.org/10.1128/AEM.00774-06>

- IAEA. (2014). New Possibilities for the IAEA Developing Member States for Advanced X Ray Spectrometry Applications Using Synchrotron Light. <https://www-pub.Iaea.org/MTCD/Publications/PDF/Newsletters/XRF-24.Pdf>. Consultado 15 Abril 2022.
- Imchen, M., Kumavath, R., Barh, D., Vaz, A., Góes-Neto, A., Tiwari, S., Ghosh, P., Wattam, A. R., y Azevedo, V. (2018). Comparative mangrove metagenome reveals global prevalence of heavy metals and antibiotic resistome across different ecosystems. *Scientific Reports*, 8(1), 11187. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-29521-4>
- Imchen, M. y Kumavath, R. (2021). Metagenomic insights into the antibiotic resistome of mangrove sediments and their association to socioeconomic status. *Environment Pollution*. 1(268), 115795. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2020.115795>.
- INEGI. (2020). Marco Geoestadístico. Censo de Población y Vivienda 2020. <https://www.inegi.org.mx/app/biblioteca/ficha.html?upc=889463807469>. Consultado 15 de Marzo de 2023
- Iskandar, K., Murugaiyan, J., Halat, D. H., Hage, S. El, Chibabhai, V., Adukkadukkam, S., Roques, C., Molinier, L., Salameh, P., y Van Dongen, M. (2022). Antibiotic Discovery and Resistance: The Chase and the Race. In *Antibiotics*, 11(2), 182. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11020182>
- Ivics, Z., y Izsvak, Z. (2006). Transposons for gene therapy!. *Current gene therapy*, 6(5), 593-607. <https://doi.org/10.2174/156652306778520647>
- Jacoby, G. A. (2009). AmpC B-Lactamases. *Clinical Microbiology Reviews*. 22(1), 161–182. <https://doi.org/10.1128/CMR.00036-08>
- Jalal, K. C. A., Fatin, N. U., John, A. B., y Nor Omar, M. (2010). Antibiotic resistance microbes in tropical mangrove sediments in east coast peninsular, Malaysia. *African Journal of Microbiology Research*, 4(8), 640–645.
- Jamin, M., Hakenbeck, R., y Frere, J. M. (1993). Penicillin binding protein 2x as a major contributor to intrinsic β -lactam resistance of *Streptococcus pneumoniae*. *FEBS Letters*, 331(1–2), 101–104. [https://doi.org/10.1016/0014-5793\(93\)80305-E](https://doi.org/10.1016/0014-5793(93)80305-E)
- Janda, J. M., y Abbott, S. L. (2010). The genus *Aeromonas*: Taxonomy, pathogenicity, and infection. *Clinical Microbiology Reviews*. 23(1), 35–73. <https://doi.org/10.1128/CMR.00039-09>
- Jeamsripong, S., Thaotumpitak, V., Anuntawirun, S., Roongrojmongkhon, N., Atwill, E. R., y Hinthong, W. (2022). Molecular Epidemiology of Antimicrobial Resistance and Virulence Profiles of *Escherichia coli*, *Salmonella* spp., and *Vibrio* spp. Isolated from Coastal Seawater for Aquaculture. *Antibiotics*, 11(12), 1688. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11121688>

- Jensen, B. H., Olsen, K. E. P., Struve, C., Krogfelt, K. A., y Petersen, A. M. (2014). Epidemiology and clinical manifestations of enteroaggregative *Escherichia coli*. *Clinical Microbiology Reviews*, 27(3), 614–630. <https://doi.org/10.1128/CMR.00112-13>
- Jiang, C., Diao, X., Wang, H., y Ma, S. (2021). Diverse and abundant antibiotic resistance genes in mangrove area and their relationship with bacterial communities - A study in Hainan Island, China. *Environmental Pollution*, 276, 116704. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.116704>
- Jiang, X., Ellabaan, M. M. H., Charusanti, P., Munck, C., Blin, K., Tong, Y., Weber, T., Sommer, M. O. A., y Lee, S. Y. (2017). Dissemination of antibiotic resistance genes from antibiotic producers to pathogens. *Nature Communications*, 8, 15784. <https://doi.org/10.1038/ncomms15784>
- Johnston, C., Martin, B., Fichant, G., Polard, P., y Claverys, J. P. (2014). Bacterial transformation: Distribution, shared mechanisms and divergent control. *Nature Reviews Microbiology*, 12(3), 181–196. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3199>
- Joseph, A. V., Sasidharan, R. S., Nair, H. P., y Bhat, S. G. (2013). Occurrence of potential pathogenic *Aeromonas* species in tropical seafood, Aquafarms and mangroves off Cochin coast in South India. *Veterinary World*, 6(6), 300–306. <https://doi.org/10.5455/vetworld.2013.300-306>
- Jung, M. Y., Kim, J. S., y Chang, Y. H. (2009). *Bacillus acidiproducens* sp. nov., vineyard soil isolates that produce lactic acid. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 59(9), 2226–2231. <https://doi.org/10.1099/ijls.0.003913-0>
- Kakasis, A., y Panitsa, G. (2019). Bacteriophage therapy as an alternative treatment for human infections. A comprehensive review. *International Journal of Antimicrobial Agents* 53(1) 16–21. <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2018.09.004>
- Kao, S. J., You, I., Clewell, D. B., Donabedian, S., Zervos, M. J., Petrin, J., Shaw, K. J., & Chow, J. W. (2000). Detection of the High-Level aminoglycoside resistance gene APH(2")-IB in *Enterococcus faecium*. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 44(10), 2876-2879. <https://doi.org/10.1128/aac.44.10.2876-2879.2000>
- Kathiresan, K., & Bingham, B. L. (2001). *Biology of Mangroves and mangrove ecosystems*. Elsevier eBooks (pp. 81-251). [https://doi.org/10.1016/s0065-2881\(01\)40003-4](https://doi.org/10.1016/s0065-2881(01)40003-4)
- Kazmierczak, M. Wiedmann, y K.J. Boor. (2005). Alternative sigma factors and their roles in bacterial virulence. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 69(4) 527–543. <https://doi.org/10.1128/MMBR.69.4.527-543.2005>
- Khan, M., Paul, S. I., Rahman, M. M., y Lively, J. A. (2022). Antimicrobial Resistant Bacteria in Shrimp and Shrimp Farms of Bangladesh. *Water*, 14(19), 3172. <https://doi.org/10.3390/w14193172>

- Khanna, M., Solanski, R., y Lal, R. (2011). Selective isolation of rare Actinomycetes producing novel antimicrobial compound. *International Journal of Advanced Biotechnology Research*, 2(3), 357–375.
- Kidwell, M. G., y Lisch, D. (1997) Genetics and the Origin of Species: An introduction. *Proceedings of the national Academy of Sciences*, 94 (15), 7691-7697. <https://doi.org/10.1073/pnas.94.15.769>
- Kime, L., Randall, C. P., Banda, F. I., Coll, F., Wright, J., Richardson, J., Empel, J., Parkhill, J., y O’Neill, A. J. (2019). Transient silencing of antibiotic resistance by mutation represents a significant potential source of unanticipated therapeutic failure. *MBio*, 10(5), e01755-19. <https://doi.org/10.1128/mBio.01755-19>
- King, G. E., Werner, S. B., y Kizer, K. W. (1992). Epidemiology of *Aeromonas* Infections in California. *Clinical Infectious Diseases*, 15(3), 449-452. <https://www.jstor.org/stable/4456628>
- Kostova, I., Vassileva, C., Dai, S., y Hower, J. C. (2016). Mineralogy, geochemistry and mercury content characterization of fly ashes from the Maritza 3 and Varna thermoelectric power plants, Bulgaria. *Fuel*, 186, 674–684. <https://doi.org/10.1016/j.fuel.2016.09.015>
- Kostyla, C., Bain, R., Cronk, R., y Bartram, J. (2015). Seasonal variation of fecal contamination in drinking water sources in developing countries: A systematic review. *Science of the Total Environment*, 514, 333–343. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.01.018>
- Kottara, A., Hall, J. P. J., Harrison, E., y Brockhurst, M. A. (2018). Variable plasmid fitness effects and mobile genetic element dynamics across *Pseudomonas* species. *FEMS Microbiology Ecology*, 94(1), fix172. <https://doi.org/10.1093/femsec/fix172>
- Kraemer, S. A., Ramachandran, A., y Perron, G. G. (2019). Antibiotic pollution in the environment: Microbial ecology to public policy. *Microorganisms*, 7(6), 180. <https://doi.org/10.3390/microorganisms7060180>
- Kushner, D. J. (1968). Halophilic bacteria. *Advances in Applied Microbiology* 10, 73-99. [https://doi.org/10.1016/s0065-2164\(08\)70189-8](https://doi.org/10.1016/s0065-2164(08)70189-8)
- Lalitha, P., Parthiban, A., Sachithanandam, V., Purvaja, R., y Ramesh, R. (2021). Antibacterial and antioxidant potential of GC-MS analysis of crude ethyl acetate extract from the tropical mangrove plant *Avicennia officinalis* L. *South African Journal of Botany*, 142, 149–155. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2021.06.023>
- Lanyi, J. K. (1974). Salt-Dependent Properties of Proteins from Extremely Halophilic Bacteria. *Bacteriological Reviews*, 38(3), 272-290. <https://doi.org/10.1128/br.38.3.272-290.1974>
- Lawson, N. M., Mason, R. P., y Laporte, J.M. (2001). The fate and transport of mercury, methylmercury, and other trace metals in Chesapeake Bay tributaries. *Water Research* 35(2), 501-515. [https://doi.org/10.1016/s0043-1354\(00\)00267-0](https://doi.org/10.1016/s0043-1354(00)00267-0)

- Leal-Acosta, M. L., Shumilin, E., Mirlean, N., Sapozhnikov, D., y Gordeev, V. (2010). Arsenic and mercury contamination of sediments of geothermal springs, mangrove lagoon and the Santispac Bight, Bahía Concepción, Baja California peninsula. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, 85(6), 609–613. <https://doi.org/10.1007/s00128-010-0135-5>
- Leary, J. V, Nelson, N., Tisserat, B., y Allingham, E. A. (1986). Isolation of Pathogenic *Bacillus circulans* from Callus Cultures and Healthy Offshoots of Date Palm (*Phoenix dactylifera* L.). *Applied and Environmental Microbiology*, 52(5), 1173-1176. <https://doi.org/10.1086/491709>
- Lévesque, C., Brassard, S., Lapointe, J., y Roy, P. H. (1994). Diversity and relative strength of tandem promoters for the antibiotic-resistance genes of several integron. *Gene*, 142(1), 49-54. [https://doi.org/10.1016/0378-1119\(94\)90353-0](https://doi.org/10.1016/0378-1119(94)90353-0)
- Levine, D. P. (2006). Vancomycin: A History. *Clinical Infectious Diseases* 412(S1), S5-S12. <https://doi.org/10.1086/491709>
- Li, B., Qiu, Y., Song, Y., Lin, H., y Yin, H. (2019). Dissecting horizontal and vertical gene transfer of antibiotic resistance plasmid in bacterial community using microfluidics. *Environment International*, 131, 105007. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2019.105007>
- Lim, S. H., Darah, I., y Jain, K. (2006). Antimicrobial activities of tannins extracted from *Rhizophora apiculata* barks. *Journal of Tropical Forest Science*, 18(1), 59-65. <http://www.jstor.org/stable/43594647>
- Lin, J., Nishino, K., Roberts, M. C., Tolmasky, M., Aminov, R. I., y Zhang, L. (2015). Mechanisms of antibiotic resistance. *Frontiers in Microbiology*, 6, 34. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00034>
- Liu M., Cui Y., Chen Y., Lin X., Huang H., y Bao S. (2017) Diversity of Bacillus-like bacterial community in the sediments of the Bamenwan mangrove wetland in Hainan, China. *Canadian Journal of Microbiology*. 63(3), 238-245. <https://doi.org/10.1139/cjm-2016-0449>.
- Liu, C. J., Gong, F. M., Li, X. R., Li, H. Y., Zhang, Z. H., Feng, Y., y Nagano, H. (2012). Natural populations of lactic acid bacteria in douchi from Yunnan Province, China. *Journal of Zhejiang University: Science B*, 13(4), 298–306. <https://doi.org/10.1631/jzus.b1100221>
- Lobanovska, M., y Pilla, G. (2017). Penicillin's Discovery and Antibiotic Resistance: Lessons for the Future?. *Yale Journal of Biology and Medicine* 90(1): 135-145
- Long, E. R. y Morgan, L. G. (1991). The Potential for Biological Effects of Sediment-Sorbed Contaminants Tested in the National Status and Trends Program. NOAA Technical Memorandum NOS OMA 52. Second Printing. 175 pp. and Appendices. BOX 23. Abstract.

- Lu, J., Shen, T., Zhang, Y., Ma, X., Xu, S., Awad, S., Du, M., y Zhong, Z. (2023). Safety assessment of *Enterococcus lactis* based on comparative genomics and phenotypic analysis. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1196558. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1196558>
- Lupo, A., Coyne, S., y Berendonk, T. U. (2012). Origin and evolution of antibiotic resistance: The common mechanisms of emergence and spread in water bodies. *Frontiers in Microbiology*, 3, 18. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2012.00018>
- Lyu, H., He, Z., Wu, C. I., y Shi, S. (2018). Convergent adaptive evolution in marginal environments: unloading transposable elements as a common strategy among mangrove genomes. *New Phytologist*, 217(1), 428–438. <https://doi.org/10.1111/nph.14784>
- Ma, K., Yin, Q., Chen, L., Lai, Q., y Xu, Y. (2018). *Bacillus acanthi* sp. nov., isolated from the rhizosphere soil of a mangrove plant *Acanthus ilicifolius*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 68(9), 3047–3051. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002950>
- MacDonald, D. D., Ingersoll, C. G., y Berger, T. A. (2000). Development and evaluation of consensus-based sediment quality guidelines for freshwater ecosystems. *Archives of Environmental Contamination and Toxicology*, 39(1), 20–31. <https://doi.org/10.1007/s002440010075>
- Macklin, M. G., y Lewin, J. (2015). The rivers of civilization. *Quaternary Science Reviews*, 114, 228–244. <https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2015.02.004>
- Maes, J., Liqueste, C., Teller, A., Erhard, M., Paracchini, M. L., Barredo, J. I., Grizzetti, B., Cardoso, A., Somma, F., Petersen, J. E., Meiner, A., Gelabert, E. R., Zal, N., Kristensen, P., Bastrup-Birk, A., Biala, K., Piroddi, C., Egoh, B., Degeorges, P., Lavalle, C. (2016). An indicator framework for assessing ecosystem services in support of the EU Biodiversity Strategy to 2020. *Ecosystem Services*, 17, 14–23. <https://doi.org/10.1016/j.ecoser.2015.10.023>
- Magiorakos, A. P., Srinivasan, A., Carey, R. B., Carmeli, Y., Falagas, M. E., Giske, C. G., Harbarth, S., Hindler, J. F., Kahlmeter, G., Olsson-Liljequist, B., Paterson, D. L., Rice, L. B., Stelling, J., Struelens, M. J., Vatopoulos, A., Weber, J. T., y Monnet, D. L. (2012). Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: An international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance. *Clinical Microbiology and Infection*, 18(3), 268–281. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2011.03570.x>
- Mangwani, N., Kumari, S., Shukla, S. K., Rao, T. S., y Das, S. (2014). Phenotypic switching in biofilm-forming marine bacterium *Paenibacillus lautus* NE3B01. *Current Microbiology*, 68(5), 648–656. <https://doi.org/10.1007/s00284-014-0525-8>
- Mansour S.C., Pletzer D., de la Fuente-Núñez C., P. Kim, G.Y.C. Cheung, y H.-S. Joo. (2016). Bacterial abscess formation is controlled by the stringent stress response and can be

- targeted therapeutically. *eBiomedicine*, 12, 219–226. <https://doi.org/10.1016/j.ebiom.2016.09.015>
- Markland, S., Weppelmann, T. A., Ma, Z., Lee, S., Mir, R. A., Teng, L., Ginn, A., Lee, C., Ukhanova, M., Galindo, S., Carr, C., DiLorenzo, N., Ahn, S., Mah, J. H., Kim, H. Y., Mai, V., Mobley, R., Morris, J. G., y Jeong, K. C. C. (2019). High prevalence of cefotaxime resistant bacteria in grazing beef cattle: A cross sectional study. *Frontiers in Microbiology*, 10, 408423. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00176>
- Marri, P. R., Hao, W., y Golding, G. B. (2007). The role of laterally transferred genes in adaptive evolution. *BMC Evolutionary Biology*, 7(S1), S8. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-7-S1-S8>
- Martin, J.M., y Meybeck, M. (1979). Elemental mass-balance of material carried by major world rivers. *Marine Chemistry*, 7(3), 173–206. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0304-4203\(79\)90039-2](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/0304-4203(79)90039-2)
- Matsumura, Y., Peirano, G., Devinney, R., Bradford, P. A., Motyl, M. R., Adams, M. D., y Pitout, J.D.D. (2017). Genomic epidemiology of global VIM-producing Enterobacteriaceae. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 72(8), 2249–2258. <https://doi.org/10.1093/jac/dkx148>
- McFarland J. (1907). Nephelometer: an instrument for estimating the number of bacteria in suspensions used for calculating the opsonic index and for vaccines. *Journal of the American Medical Association*, 14, 1176–1178. <http://dx.doi.org/10.1001/jama.1907.25320140022001f>
- McLeod E., Chmura G. L., Bouillon S., Salm R., Björk M., Duarte C. M., Lovelock C. E., Schlesinger W.H., Silliman (2011). A blueprint for blue carbon: Toward an improved understanding of the role of vegetated coastal habitats in sequestering CO₂. *Frontiers in Ecology Environment*, 9, 552–560. <https://doi.org/https://doi.org/10.1890/110004>
- Meng, S., Peng, T., Pratush, A., Huang, T., y Hu, Z. (2021). Interactions between heavy metals and bacteria in mangroves. *Marine Pollution Bulletin*, 172, 112846. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2021.112846>
- Mesas, J. M., Rodríguez, M. C., y Alegre, M. T. (2004). Plasmid curing of *Oenococcus oeni*. *Plasmid*, 51(1), 37–40. [https://doi.org/10.1016/S0147-619X\(03\)00074-X](https://doi.org/10.1016/S0147-619X(03)00074-X)
- Messer, J. W., y Dufour, A. P. (1998). A Rapid, Specific Membrane Filtration Procedure for Enumeration of Enterococci in Recreational Water. *Applied and Environmental Microbiology* 64(2). 678–680. <https://doi.org/10.1128/AEM.64.2.678-680.1998>
- Mihdir, A., Assaeedi, A., Abulreesh, H., y Osman, G. (2016). Detection of Heavy Metal Resistance Genes in an Environmental *Pseudomonas aeruginosa* Isolate. *British Microbiology Research Journal*, 17(1), 1–9. <https://doi.org/10.9734/bmrj/2016/28655>

- Millennium Ecosystem Assessment (Program). (2005). Ecosystems and human well-being : synthesis. Island Press.
- Minakhinat, S., Kholodii, G., Mindlin, S., Yurieva, O., y Nikiforov, V. (1999). Tn5053 family transposons are res site hunters sensing plasmidal res sites occupied by cognate resolvases. *Molecular Microbiology*, 33(5), 1059–1068. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2958.1999.01548.x>
- Mmolawa, K. B., Likuku, A. S., y Gaboutloeloe, G. K. (2011). Assessment of heavy metal pollution in soils along major roadside areas in Botswana. *African Journal of Environmental Science and Technology*, 5(3), 186–196. <http://www.academicjournals.org/AJEST>
- Møller, T. S. B., Overgaard, M., Nielsen, S. S., Bortolaia, V., Sommer, M. O. A., Guardabassi, L., y Olsen, J. E. (2016). Relation between tetR and tetA expression in tetracycline resistant *Escherichia coli*. *BMC Microbiology*, 16(1), 39. <https://doi.org/10.1186/s12866-016-0649-z>
- Montero Martínez, J.M., y Ibáñez Hernández, O.F. (2017). La cuenca del Río Conchos: una mirada desde las ciencias ante el cambio climático. www.imta.gob.mx. Consultado 4 de Octubre de 2023
- Morandi, S., Cremonesi, P., Povolo, M., y Brasca, M. (2012). *Enterococcus lactis* sp. nov., from Italian raw milk cheeses. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62(8), 1992–1996. <https://doi.org/10.1099/ij.s.0.030825-0>
- Muller, G. (1969). Index of Geoaccumulation in Sediments of the Rhine River. *GeoJournal*, 2(3), 108–118.
- Munita, J. M., y Arias, C. A. (2016). Mechanisms of Antibiotic Resistance. *Microbiology Spectrum*, 4(2), VMBF-0016-2015. <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.VMBF-0016-2015>
- Nagamitsu, H., Murata, M., Kosaka, T., Kawaguchi, J., Mori, H., y Yamada, M. (2013). Crucial roles of MICA and RYBB as vital factors for Σ E-Dependent cell lysis in *Escherichia coli* Long-Term Stationary Phase. *Microbial physiology*, 23(3), 227-232. <https://doi.org/10.1159/000350370>
- Nellemann, C., Corcoran, E. C., Duarte, C. M., Valdés, L., De Young, C., Fonseca, L., y Grimsditch, G. (2009). Blue Carbon: The role of healthy oceans in binding carbon. A Rapid Response assessment. United Nations Environment Programme eBooks. <http://digital.csic.es/handle/10261/88577>
- Nguyen, H., Garnier, J., Janeau, J. L., y Rochelle-Newall, E. (2016). Seasonal variability of faecal indicator bacteria numbers and die-off rates in the Red River basin, North Viet Nam. *Scientific Reports*, 6, 1644. <https://doi.org/10.1038/srep21644>

- Nies, D. H. (2003). Efflux-mediated heavy metal resistance in prokaryotes. In *FEMS Microbiology Reviews*, 27(2–3), 313–339. [https://doi.org/10.1016/S0168-6445\(03\)00048-2](https://doi.org/10.1016/S0168-6445(03)00048-2)
- Nikaido, H. (2009). Multidrug resistance in bacteria. *Annual Review of Biochemistry*, 78, 119–146. <https://doi.org/10.1146/annurev.biochem.78.082907.145923>
- Okeke, E. S., Chukwudozie, K. I., Nyaruaba, R., Ita, R. E., Oladipo, A., Ejeromedoghene, O., Atakpa, E. O., Agu, C. V., y Okoye, C. O. (2022). Antibiotic resistance in aquaculture and aquatic organisms: a review of current nanotechnology applications for sustainable management. *Environmental Science and Pollution Research*, 29(46), 69241–69274). <https://doi.org/10.1007/s11356-022-22319-y>
- Oluyemi, E. A., Adekunle, A. S., Adenuga, A. A., y Makinde, W. O. (2011). Physico-chemical properties and heavy metal content of water sources in Ife North Local Government Area of Osun State, Nigeria. *African Journal of Environmental Science and Technology* 4(10), 691-697.
- Osterberg, S., Del Peso-Santos, T., y Shingler, V. (2011). Regulation of alternative sigma factor use. *Annual Review of Microbiology*, 65(1), 37-55. <https://doi.org/10.1146/annurev.micro.112408.134219>
- Otero, M. (2021). Manual for the creation of Blue Carbon projects in Europe and the Mediterranean. <https://www.iucn.org/resources/file/manual-creation-blue-carbon-projects-europe-and-mediterranean>
- Padda I.S. (2023). Cefotaxime. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK560653/> Consultado 4 de Octubre de 2023
- Pal, C., Asiani, K., Arya, S., Rensing, C., Stekel, D. J., Larsson, D. G. J., y Hobman, J. L. (2017). Metal resistance and its association with antibiotic resistance. *Advances in Microbial Physiology*, 70, 261-313. <https://doi.org/10.1016/bs.ampbs.2017.02.001>
- Palacios, O. A., Adame-Gallegos, J. R., Rivera-Chavira, B. E., y Nevarez-Moorillon, G. V. (2021). Antibiotics, multidrug-resistant bacteria, and antibiotic resistance genes: Indicators of contamination in mangroves?. *Antibiotics* 10(9), 1103. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10091103>
- Palumbo, S. A., Maxino, F., Williams, A. C., Buchanan, R. L., y Thayer, D. W. (1985). Starch-Ampicillin Agar for the quantitative Detection of *Aeromonas hydrophila*. *Applied and Environmental Microbiology*, 50(4), 1027-1030. <https://doi.org/10.1128/aem.50.4.1027-1030.1985>
- Papich, M. G. (2016). Cefotaxime Sodium. In *Saunders Handbook of Veterinary Drugs* (pp. 124–126). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-24485-5.00139-X>

- Partridge, S. R., Kwong, S. M., Firth, N., y Jensen, S. O. (2018). Mobile Genetic Elements Associated with Antimicrobial Resistance. *Clinical Microbiological Reviews*, 31(4), cmr.00088-17. <https://doi.org/https://doi.org/10.1128/cmr.00088-17>
- Partridge, S. R., Recchia, G. D., Scaramuzzi, C., Collis, C. M., Stokes, H. W., y Hall, R. M. (2000). Definition of the attI1 site of class 1 integrons. *Microbiology*, 146(11), 2855-2864. <https://doi.org/10.1099/00221287-146-11-2855>.
- Patil, P.N., Sawant, D.V. y Deshmukh, R.N. (2012) Physico-Chemical Parameters for Testing of Water—A Review. *International Journal of Environmental Sciences*, 3, 1194-1207.
- Peechakara, B. V. (2022). Ampicillin. StatPearls - NCBI Bookshelf. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK519569/>. Consultado 15 de Junio de 2023
- Pendleton, J. N., Gorman, S., y Gilmore, B. (2013). Clinical relevance of the ESKAPE pathogens. *Expert Review of Anti-infective Therapy*, 11(3), 297–308. <https://doi.org/10.1586/eri.13.12>
- Pendleton, L. H., Donato, D. C., Murray, B. C., Crooks, S., Jenkins, W. A., Sifleet, S., Craft, C., Fourqurean, J. W., Kauffman, J. B., Marbà, N., Megonigal, J. P., Pidgeon, E., Herr, D., Gordon, D. R., y Baldera, A. (2012). Estimating global “Blue carbon” emissions from conversion and degradation of vegetated coastal ecosystems. *PLOS ONE*, 7(9), e43542. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0043542>
- Peng, J., Song, Y., Yuan, P., Cui, X., y Qiu, G. (2009). The remediation of heavy metals contaminated sediment. *Journal of Hazardous Materials*, 161(2-3), 633-640. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2008.04.061>
- Persaud, D. y Jaagumagi, R. (1993). Guidelines for the protection and management of aquatic sediment quality in Ontario ministry of environment and energy. Ministry of Environment and Energy.
- Podglajen, I., Breuil, J., y Collatz, E. (1994). Insertion of a novel DNA sequence, IS 1186, upstream of the silent carbapenemase gene CFIA, promotes expression of carbapenem resistance in clinical isolates of *Bacteroides fragilis*. *Molecular Microbiology*, 12(1), 105-114. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2958.1994.tb00999.x>
- Poh, C., Oh, H. M. L., y Tan, A. (2006). Epidemiology and clinical outcome of enterococcal bacteraemia in an acute care hospital. *Journal of Infection*, 52(5), 383-386. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2005.07.011>
- Poirel, L., Walsh, T. R., Cuvillier, V., y Nordmann, P. (2011). Multiplex PCR for detection of acquired carbapenemase genes. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease*, 70(1), 119–123. <https://doi.org/10.1016/j.diagmicrobio.2010.12.002>
- Pommepuy, M., Guillaud, J., Dupray, E., Derrien, A., Guyader, F. L., y Cormier, M. (1992). Enteric bacteria survival Factors. *Water Science and Technology*, 25(12), 93-103. <https://doi.org/10.2166/wst.1992.0341>

- Puthusseri, R. M., Nair, H. P., Johny, T. K., & Bhat, S. G. (2021). Insights into the response of mangrove sediment microbiomes to heavy metal pollution: Ecological risk assessment and metagenomics perspectives. *Journal of Environmental Management*, 298, 113492. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2021.113492>
- Qin, L., Tian, P., Cui, Q., Hu, S., Jian, W., Xie, C., Yang, X., y Shen, H. (2021). *Bacillus circulans* GN03 Alters the Microbiota, Promotes Cotton Seedling Growth and Disease Resistance, and Increases the Expression of Phytohormone Synthesis and Disease Resistance-Related Genes. *Frontiers in Plant Science*, 12, 644597. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.644597>
- Rahardjo, A. K., Susanto, M. J. J., Kurniawan, A., Indraswati, N., y Ismadji, S. (2011). Modified Ponorogo bentonite for the removal of ampicillin from wastewater. *Journal of Hazardous Materials*, 190(1–3), 1001–1008. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2011.04.052>
- Rahi, K. A., y Halihan, T. (2010). Changes in the salinity of the Euphrates River system in Iraq. *Regional Environmental Change*, 10(1), 27–35. <https://doi.org/10.1007/s10113-009-0083-y>
- Rahman, Z., y Singh, V. P. (2018). Assessment of heavy metal contamination and HG-resistant bacteria in surface water from different regions of Delhi, India. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 25(8), 1687-1695. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2016.09.018>
- Rai, L. C., Gaurx, J. P., y Kumar, H. D. (1981). Phycology and heavy-metal pollution. *Biological reviews*, 56(2), 99–151. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1469-185X.1981.tb00345.x>
- Reible, D. D. (1994). Development and Evaluation of Numerical Sediment Quality Assessment Guidelines for Florida Inland Waters. *Environmental Management*, 18(2), 189–203.
- Retnowati, Y., Angkah, S., Sukarti, M., Tjut, S.D.y Endang, S.S. (2017). Diversity of antibiotic-producing Actinomycetes in mangrove forest of Torosiaje, Gorontalo, Indonesia. *Biodiversitas*. 18(3), 1453-1461. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d18032>
- Reviriego Herráez, C., Rodríguez Gómez, J. M., y Fernández Álvarez, L. (2008). “*Lactococcus lactis*” productores de pediocina PA-1 y enterococos aislados de leche materna como agentes bioconservantes en quesos [Tesis de Doctorado]. Universidad Complutense de Madrid, Servicio de Publicaciones.
- Riccio, M. L., Docquier, J. D., Dell’Amico, E., Luzzaro, F., Amicosante, G., y Rossolini, G. M. (2003). Novel 3-N-aminoglycoside acetyltransferase gene, aac(3)-Ic, from a *Pseudomonas aeruginosa* integron. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 47(5), 1746–1748. <https://doi.org/10.1128/AAC.47.5.1746-1748.2003>
- Rios-Arana, J. V., Walsh, E. J., y Gardea-Torresdey, J. L. (2004). Assessment of arsenic and heavy metal concentrations in water and sediments of the Rio Grande at El Paso-Juarez

- metroplex region. *Environment International*, 29(7), 957–971. [https://doi.org/10.1016/S0160-4120\(03\)00080-1](https://doi.org/10.1016/S0160-4120(03)00080-1)
- Rivera-Chavira, B. E., Palacios, A., Adame-Gallegos, J. R., y Nevárez-Moorillón, V. G. (2020). La Resistencia Bacteriana a Antibióticos: Un Problema Ambiental y Multisectorial Microbial. *Journal of BioProcess and Chemical Technology*, 12(24). <http://www.biochemtech.uadec.mx/2020/07/15/la-resistencia-bacteriana-a-antibioticos-un-problema-ambiental-y-multisectorial/>
- Riyanti, W., Liu, Y., Sharma, A., Mihajlovic, S., Hartwig, C., Leis, B., Rieuwpassa, F. J., Ijong, F. G., Wägele, H., König, G. M., y Schäberle, T. F. (2020). Selection of sponge-associated bacteria with high potential for the production of antibacterial compounds. *Scientific Reports*, 10(1), 19614. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-76256-2>
- Roberts, M. C., y Schwarz, S. (2016). Tetracycline and Phenicol Resistance Genes and Mechanisms: Importance for Agriculture, the Environment, and Humans. *Journal of Environmental Quality*, 45(2), 576–592. <https://doi.org/10.2134/jeq2015.04.0207>
- Rocha, F. (2005). Programa de Manejo Integral de la Cuenca del río Conchos. Grupo Interinstitucional de Trabajo (GIT).
- Rodríguez Rodríguez, M.A. (2022). Indicadores microbiológicos de contaminación por actividades antropogénicas, en sedimentos de bahía de Magdalena, baja california sur [Tesis de Licenciatura]. Universidad Autónoma de Chihuahua.
- Rönnbäck, P. (1999). The ecological basis for economic value of seafood production supported by mangrove ecosystems. *Ecological Economics*, 29(2), 235–252. [https://doi.org/10.1016/s0921-8009\(99\)00016-6](https://doi.org/10.1016/s0921-8009(99)00016-6)
- Rosewarne, C. P., Pettigrove, V., Stokes, H. W., y Parsons, Y. M. (2010). Class 1 integrons in benthic bacterial communities: Abundance, association with Tn402-like transposition modules and evidence for coselection with heavy-metal resistance. *FEMS Microbiology Ecology*, 72(1), 35–46. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2009.00823.x>
- Rowe-Magnus, D. A., Guerout, A. M., y Mazel, D. (2002). Bacterial resistance evolution by recruitment of super-integron gene cassettes. *Molecular Microbiology*, 43(6), 1657–1669. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2958.2002.02861.x>
- Ruan, S., Luo, J., Zhang, T., Nordhaus, I., Diao, X., y Zhao, H. (2020). Spatial and seasonal variations of chloramphenicol resistance genes and their co-occurring analysis with bacteria in a typical mangrove area of Hainan island, China. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 233, 10654. <https://doi.org/10.1016/j.ecss.2019.106541>
- Rumisha, C., Mdegela, R. H., Kochzius, M., Leermakers, M., y Elskens, M. (2016). Trace metals in the giant tiger prawn *Penaeus monodon* and mangrove sediments of the Tanzania coast: Is there a risk to marine fauna and public health?. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 132, 77–86. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2016.05.028>

- Russo, A., Tarantino, U., D’Ettorre, G., Della Rocca, C., Ceccarelli, G., Gasbarra, E., Venditti, M., y Iundusi, R. (2021). First report of spondylodiscitis caused by *Bacillus circulans* in an immunocompetent patient. Clinical case and review of the literatura; IDCases, 23, e01058. <https://doi.org/10.1016/j.idcr.2021.e01058>
- Sabry, S. A., Ghozlan, H. A., y Abou-Zeid, D. (1997). Metal tolerance and antibiotic resistance patterns of a bacterial population isolated from sea water. Journal of Applied Microbiology, 82(2), 245–252. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.1997.tb02858.x>
- Sáez-Nieto, J. A., Medina, M. J., Carrasco, G., Garrido, N., Fernández-Torres, M., Villalón, P., y Valdezate, S. (2017). *Paenibacillus* spp. isolated from human and environmental samples in Spain: detection of 11 new species. New Microbes and New Infections, 19, 19–27. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2017.05.006>
- Sahoo, K., y Dhal, N. K. (2009). Potential microbial diversity in mangrove ecosystems: A review. Indian Journal of Marine Sciences. 38(2).
- Sajjad, A., Holley, M. P., Labbate, M., Stokes, H. W., y Gillings, M. R. (2011). Preclinical class 1 integron with a complete Tn402-like transposition module. Applied and Environmental Microbiology, 77(1), 335–337. <https://doi.org/10.1128/AEM.02142-10>
- Saltikov, C.W., y Olson B.H. (2002). Homology of *Escherichia coli* R773 arsA, arsB, and arsC genes in arsenic-resistant bacteria isolated from raw sewage and arsenic-enriched creek waters. Application of Environmental Microbiology. 68(1):280-288. <https://doi.org/10.1128/AEM.68.1.280-288.2002>.
- Sayto-Corona, Silva-Hidalgo, H., Sandoval-Solis, S. y Alvarez-Herrera, C., Herrera-Pedraza, E. (2017). Aproximación e impacto directo de ciclones tropicales a la cuenca del río Conchos, Chihuahua, México. Investigación y Ciencia de la Universidad Autónoma de Aguascalientes. 53-61. <https://doi.org/10.33064/iycuaa201772222>
- Schechter, L. M., Creely, D., Garner, C. D., Shortridge, D., Nguyen, H., Chen, L., Hanson, B., Sodergren, E., Weinstock, G. M., Dunne, W. M., Van Belkum, A., & Leopold, S. R. (2018). Extensive Gene Amplification as a Mechanism for Piperacillin-Tazobactam Resistance in *Escherichia coli*. MBio, 9(2). <https://doi.org/10.1128/mbio.00583-18>
- Schudel, G., Miserendino, R. A., Veiga, M. M., Velasquez-López, P. C., Lees, P. S. J., Winland-Gaetz, S., Davée Guimarães, J. R., y Bergquist, B. A. (2018). An investigation of mercury sources in the Puyango-Tumbes River: Using stable Hg isotopes to characterize transboundary Hg pollution. Chemosphere, 202, 777–787. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2018.03.081>
- Seck, E. H., Dufour, J., Raoult, D., y Lagier, J. (2018). Halophilic & halotolerant prokaryotes in humans. Future Microbiology, 13(7), 799–812. <https://doi.org/10.2217/fmb-2017-0237>
- Secretaría de Salud (SSA). (1994). NOM-127-SSA1-1994 - Salud ambiental, agua para uso y consumo humano - Límites permisibles de calidad y tratamientos a que debe someterse

el agua para su potabilización.
<http://www.salud.gob.mx/unidades/cdi/nom/127ssa14.html>. Consultado 15 de Mayo del 2022.

Secretaría de Salud (SSA). (2009). NOM-242-SSA1-2009, Servicios básicos de salud. Promoción y educación para la salud en materia alimentaria. Criterios para brindar orientación. https://Www.Gob.Mx/Cms/Uploads/Attachment/File/168748/NOM_242.Pdf. Consultado 15 de Mayo del 2022.

SEMARNAT. (2016). Los manglares mexicanos. <https://Www.Gob.Mx/Semarnat/Articulos/Manglares-Mexicanos>. Consultado el 15 de Diciembre del 2023.

Seong, H. J., Kim, J. J., Kim, T., Ahn, S. J., Rho, M., & Sul, W. J. (2021). A case study on the distribution of the environmental resistome in Korean shrimp farms. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 227, 112858. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2021.112858>

Servicio Geológico Mexicano (2021). Panorama minero del estado de baja california sur. <https://www.gob.mx/sgm/articulos/consulta-los-panoramas-mineros-estatales> Consultado 15 de Mayo de 2023.

Shahid, M. (2010). *Citrobacter* spp. simultaneously harboring blaCTX-M, blaTEM, blaSHV, blaampC, and insertion sequences IS26 and orf513: An evolutionary phenomenon of recent concern for antibiotic resistance. *Journal of Clinical Microbiology*, 48(5), 1833–1838. <https://doi.org/10.1128/JCM.01467-09>

Shen, N., Yang, M., Xie, C., Pan, J., Pang, K., Zhang, H., Wang, Y., y Jiang, M. (2022). Isolation and identification of a feather degrading *Bacillus tropicus* strain Gxun-17 from marine environment and its enzyme characteristics. *BMC Biotechnology*, 22(1), 11. <https://doi.org/10.1186/s12896-022-00742-w>

Sibanda, T., Chigor, V. N., y Okoh, A. I. (2013). Seasonal and spatio-temporal distribution of faecal-indicator bacteria in Tyume River in the Eastern Cape Province, South Africa. *Environmental Monitoring and Assessment*. 185(8), 6579–6590. <https://doi.org/10.1007/s10661-012-3048-4>

Sinclair, A., Hebb, D., Jamieson, R., Gordon, R., Benedict, K., Fuller, K., Stratton, G. W., y Madani, A. (2009). Growing season surface water loading of fecal indicator organisms within a rural watershed. *Water Research*. 43(5), 1199–1206. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2008.12.006>

Sinex, S. A., y Helz, G. R. (1981). Regional Geochemistry of Trace Elements in Chesapeake Bay Sediments. *Environmental geology*, 3(6), 315-323. <https://doi.org/10.1007/bf02473521>

Smith, S. L., MacDonald, D. D., Keenleyside, K. A., Ingersoll, C. G., y Field, L. J. (1996). A preliminary evaluation of sediment quality assessment values for freshwater

- ecosystems. *Journal of Great Lakes Research*, 22(3), 624–638.
[https://doi.org/10.1016/S0380-1330\(96\)70985-1](https://doi.org/10.1016/S0380-1330(96)70985-1)
- Southward, A. J. (2001). *Advances in marine biology*. Vol. 40. Academic Press.
- Squadrone, S. (2020). Water environments: metal-tolerant and antibiotic-resistant bacteria. *Environmental Monitoring and Assessment*, 192(4), 238.
<https://doi.org/10.1007/s10661-020-8191-8>
- Stepanauskas, R., Glenn, T. C., Jagoe, C. H., Tuckfield, R. C., Lindell, A. H., King, C., y McArthur, J. V. (2006). Coselection for microbial resistance to metals and antibiotics in freshwater microcosms. *Environmental Microbiology*, 8(9), 1510-1514.
<https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2006.01091.x>
- Strommenger, B., Kettlitz, C., Werner, G., y Witte, W. (2003). Multiplex PCR assay for simultaneous detection of nine clinically relevant antibiotic resistance genes in *Staphylococcus aureus*. *Journal of Clinical Microbiology*, 41(9), 4089–4094.
<https://doi.org/10.1128/JCM.41.9.4089-4094.2003>
- Suzuki, S., Pruden, A., Virta, M., y Zhang, T. (2017). Editorial: Antibiotic Resistance in Aquatic Systems. *Frontiers in Microbiology*, 8, 14.
<https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00014>
- Swift, B. M. C., Bennett, M., Waller, K., Dodd, C., Murray, A., Gomes, R. L., Humphreys, B., Hobman, J. L., Jones, M. A., Whitlock, S. E., Mitchell, L. J., Lennon, R. J., y Arnold, K. E. (2019). Anthropogenic environmental drivers of antimicrobial resistance in wildlife. *Science of the Total Environment*, 649, 12–20.
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.08.180>
- Taberlet, P., Bonin, A., Zinger, L., y Coissac, É. (2018). *Environmental DNA. For Biodiversity Research and Monitoring*. Oxford University Press eBooks.
<https://doi.org/10.1093/oso/9780198767220.001.0001>
- Taketani, R. G., Yoshiura, C. A., Dias, A. C. F., Andreote, F. D., y Tsai, S. M. (2010). Diversity and identification of methanogenic archaea and sulphate-reducing bacteria in sediments from a pristine tropical mangrove. *Antonie van Leeuwenhoek, International Journal of General and Molecular Microbiology*, 97(4), 401–411. <https://doi.org/10.1007/s10482-010-9422-8>
- Tallon, P., Magajna, B., Lofranco, C., y Leung, K. T. (2005). Microbial Indicators of Faecal Contamination in Water: A Current Perspective. *Water, Air, and Soil Pollution*, 166(1-4), 139–166. . <https://doi:10.1007/s11270-005-7905-4>
- Ternent, L., Dyson, R. J., Krachler, A. M., y Jabbari, S. (2015). Bacterial fitness shapes the population dynamics of antibiotic-resistant and -susceptible bacteria in a model of combined antibiotic and anti-virulence treatment. *Journal of Theoretical Biology*, 372, 1–11. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2015.02.011>
- UNECE. (1994). *Guidelines for water quality: Effluent monitoring and wastewater monitoring*.

- United Nations Environment Program (UNEP) and the Minamata Convention on Mercury. (2018). Technical Background Report for the Global Mercury Assessment 2018.
- Vadlapudi, V., y Chandrasekhar Naidu, K. (2009). Bioactivity of Marine Mangrove Plant *Avicennia alba* on selected plant and oral pathogens. *International Journal of Chemical Technology Research*. 1(4), 1213-1216.
- Valdez-Cruz, N, Caspeta, L., Pérez, N., Ramirez, O., y Trujillo-Roldán, M.A. (2010). Production of recombinant proteins in *E. coli* by the heat inducible expression system based on the phage lambda pL and/or pR promoters. *BMC Microbial Cell Factories*, 9, 18 <https://doi.org/https://doi.org/10.1186/1475-2859-9-18>
- Van Asten, A. J., y Van Dijk, J. E. (2005). Coselection for microbial resistance to metals and antibiotics in freshwater microcosms. *FEMS Immunology and Medical Microbiology*, 44(3), 251-259. <https://doi.org/10.1016/j.femsim.2005.02.002>
- Verma, S., Mohanty, B. P., Singh, K. P., Behera, B. R. y Kumar, A. (2018). Dependence of precipitation of trace elements on pH in standard water. *Nuclear Instruments and Methods in Physics Research, Section B: Beam Interactions with Materials and Atoms*, 420, 18–22. <https://doi.org/10.1016/j.nimb.2018.01.016>
- Vojtová V, U. K. F. tetracyklinů a glycylycyklinů. (2009). Pharmacokinetics of tetracyclines and glycylycyclines. *Klin Mikrobiol Infekc Lek.*, 15(1), 17–21.
- Volkman, H., Schwartz, T., Bischoff, P., Kirchen, S., y Obst, U. (2004). Detection of clinically relevant antibiotic-resistance genes in municipal wastewater using real-time PCR (TaqMan). *Journal of Microbiological Methods*, 56(2), 277–286. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2003.10.014>
- Von Wintersdorff, C. J. H., Penders, J., Van Niekerk, J. M., Mills, N. D., Majumder, S., Van Alphen, L. B., Savelkoul, P. H. M., y Wolffs, P. (2016). Dissemination of Antimicrobial Resistance in Microbial Ecosystems through Horizontal Gene Transfer. *Frontiers in Microbiology*, 7, 173. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.00173>
- Vuong, C. y Otto, M. (2002). *Staphylococcus epidermidis* infections. www.elsevier.com/locate/micinf. Consultado 15 de Junio 2023.
- Wagner, T. M., Howden, B. P., Sundsfjord, A., y Hegstad, K. (2023). Transiently silent acquired antimicrobial resistance: an emerging challenge in susceptibility testing. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 78(3), 586–598. <https://doi.org/10.1093/jac/dkad024>
- Wang, Y., y Gu, J.D. (2005). Influence of temperature, salinity and pH on the growth of environmental *Aeromonas* and *Vibrio* species isolated from Mai Po and the Inner Deep Bay Nature Reserve Ramsar Site of Hong Kong. *Journal of Basic Microbiology.*, 45(1), 83-93. <https://doi.org/10.1002/jobm.200410446>

- Wang, J., Chu, L., Wojnárovits, L., y Takács, E. (2020). Occurrence and fate of antibiotics, antibiotic resistant genes (ARGs) and antibiotic resistant bacteria (ARB) in municipal wastewater treatment plant: An overview. *Science of the Total Environment*, 744, 140997. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.140997>
- Water Quality Standards in India. (1992). IS 2296:1992 Water Quality.
- Water Science School. (2018). Rivers, Streams, and Creeks. <https://www.usgs.gov/special-topics/water-science-school/science/rivers-streams-and-creeks>. Consultado 15 de Enero 2023.
- Webb, E. L., Jachowski, N. R. A., Phelps, J., Friess, D. A., Than, M. M. y Ziegler, A. D. (2014). Deforestation in the Ayeyarwady Delta and the conservation implications of an internationally-engaged Myanmar. *Global Environmental Change*, 24(1), 321–333. <https://doi.org/10.1016/j.gloenvcha.2013.10.007>
- WHO. (2007). pH in Drinking-water: Revised background document for development of WHO Guidelines for Drinking-water Quality. Consultado 15 Junio 2023.
- WHO. (2018). Salmonella (non-typhoidal). [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-\(non-typhoidal\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-(non-typhoidal)). Consultado 15 Junio 2023.
- Witte, W. (2000). Ecological impact of antibiotic use in animals on different complex microflora: environment. *International Journal of Antimicrobial Agents*, 14(4), 321–325. [https://doi.org/10.1016/s0924-8579\(00\)00144-8](https://doi.org/10.1016/s0924-8579(00)00144-8)
- Wohl, E., y Merritts, D. J. (2007). What Is a Natural River?. *Geography Compass*, 1(4), 871–900. <https://doi.org/10.1111/j.1749-8198.2007.00049.x>
- Woods, E., y McBride, S. M. (2017). Regulation of antimicrobial resistance by extracytoplasmic function (ECF) sigma factors. *Microbes and Infection*, 19(4–5), 238–248. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2017.01.007>
- World Wide Fund for Nature. (2018). Glosario ambiental: ecosistemas acuáticos, todo un mundo por descubrir. [https://www.wwf.org.mx/?335350/Glosario-Ambiental-Ecosistemas-Acuaticos-Todo-Un-Mundo-Por-Descubrir#:~:Text=Existen%20dos%20tipos%20de%20ecosistemas,Arrecifes%20de%20coral%2C%20entre%20otros](https://www.wwf.org.mx/?335350/Glosario-Ambiental-Ecosistemas-Acuaticos-Todo-Un-Mundo-Por-Descubrir#:~:Text=Existen%20dos%20tipos%20de%20ecosistemas,Arrecifes%20de%20coral%2C%20entre%20otros.). Consultado 15 junio del 2022.
- Worm, B., Barbier, E. B., Beaumont, N., Duffy, J. E., Folke, C., Halpern, B. S., Jackson, J. B. C., Lotze, H. K., Micheli, F., Palumbi, S. R., Sala, E., Selkoe, K. A., Stachowicz, J. J., y Watson, R. (2006). Impacts of biodiversity loss on ocean ecosystem services. *Science*, 314(5800), 787–790. <https://doi.org/10.1126/science.1132294>
- WWF-Fundacion Salinas. (2018). Río Conchos-Alto Río Bravo. Consultado 15 Junio 2023.
- Xu, D., Ye, W., Han, Y., Deng, Z., y Hong, K. (2014). Natural Products from Mangrove Actinomycetes. *Marine Drugs*, 12(5), 2590–2613. <https://doi.org/10.3390/md12052590>

- Gupta, N., Yadav, K., Kumar, V., y Singh, D. (2013). Assessment of Physicochemical Properties of Yamuna River in Agra City. *International Journal of Chemical Technology Research*. 5(1). 528-532.
- Yamada, A., Saitoh, T., Mimura, T., & Ozeki, Y. (2002). Expression of Mangrove Allene Oxide Cyclase Enhances Salt Tolerance in *Escherichia coli*, Yeast, and Tobacco Cells. *Plant and Cell Physiology*, 43(8), 903–910. <https://doi.org/10.1093/pcp/pcf108>
- Yamina, B., Tahar, B., y Laure, F. M. (2012). Isolation and screening of heavy metal resistant bacteria from wastewater: A study of heavy metal co-resistance and antibiotics resistance. *Water Science and Technology*, 66(10), 2041–2048. <https://doi.org/10.2166/wst.2012.355>
- Yang, G., Chen, M., Yu, Z., Lu, Q., & Zhou, S. (2013). *Bacillus composti* sp. nov. and *Bacillus thermophilus* sp. nov., two thermophilic, Fe (III)-reducing bacteria isolated from compost. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 63(8), 3030–3036. <https://doi.org/10.1099/ij.s.0.049106-0>
- Yang, H. C., Fu, H. L., Lin, Y. F., y Rosen, B. P. (2012). Pathways of arsenic uptake and efflux. In *Current Topics in Membranes*. 69, 325-358. <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-394390-3.00012-4>
- Yibar, A., Çetinkaya, F., Soyutemiz, E., y Yaman, G. (2017). Süt ve peynirden izole edilen *Bacillus cereus*'un prevalansı, enterokoksin üretimi ve antibiyotik direnci. *Kafkas Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 23(4), 635–642. <https://doi.org/10.9775/kvfd.2017.17480>
- Yousuf, S., Jamal, M. T., Al-Farawati, R. K., Al-Mur, B. A., y Singh, R. (2023). Evaluation of *Bacillus paramycoides* Strains Isolated from *Channa* Fish sp. on Growth Performance of *Labeo rohita* Fingerlings Challenged by Fish Pathogen *Aeromonas hydrophila* MTCC 12301. *Microorganisms*, 11(4), 849. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11040842>
- Zaghloul, A., Saber, M., Gadow, S. y Awad, F. (2020). Biological indicators for pollution detection in terrestrial and aquatic ecosystems. *Bulletin of the National Research Centre*, 44, 127. <https://doi.org/10.1186/s42269-020-00385-x>
- Zaghloul, E. H., Ibrahim, H. A. H. y El-Badan, D. E. S. (2021). Production of biocement with marine bacteria; *Staphylococcus epidermidis* EDH to enhance clay water retention capacity. *Egyptian Journal of Aquatic Research*, 47(1), 53–59. <https://doi.org/10.1016/j.ejar.2020.08.005>
- Zapíen Chavarría, K. A. (2021). Aislamiento e identificación de cepas resistentes a antibióticos en manglares árido tropicales [Tesis de Maestría]. Universidad Autónoma De Chihuahua.
- Zhai, Z., Cui, C., Li, X., Yan, J., Sun, E., Wang, C., Guo, H., y Hao, Y. (2023). Prevalence, antimicrobial susceptibility, and antibiotic resistance gene transfer of *Bacillus strains*

- isolated from pasteurized milk. *Journal of Dairy Science*, 106(1), 75–83. <https://doi.org/10.3168/jds.2022-22199>
- Zhang (1995). Water geochemistry of the rivers around the Taklimakan Desert (NW China): Crustal weathering and evaporation processes in arid land. *Chemical Geology*, 119(1–4). [https://doi.org/10.1016/0009-2541\(94\)00088-P](https://doi.org/10.1016/0009-2541(94)00088-P)
- Zhang, J., Takahashi, K., Wushiki, H., Yabuki, S., Xiong, J., y Masuda, A. (1995). Water geochemistry of the rivers around the Taklimakan Desert (NW China): crustal weathering and evaporation processes in arid land. *Chemical Geology*, 119(1-4), 225–237. [https://doi.org/10.1016/0009-2541\(94\)00088-p](https://doi.org/10.1016/0009-2541(94)00088-p)
- Zhang, Z., Juying, L. y Mamat, Z. (2016). Sources identification and pollution evaluation of heavy metals in the surface sediments of Bortala River, Northwest China. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 126, 94–101. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2015.12.025>
- Zhao, C., y Ruan, L. (2011). Biodegradation of *Enteromorpha prolifera* by mangrove degrading micro-community with physical-chemical pretreatment. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 92(4), 709–716. <https://doi.org/10.1007/s00253-011-3384-2>
- Zhao, R., Feng, J., Huang, J., Li, X., y Li, B. (2021). Responses of microbial community and antibiotic resistance genes to the selection pressures of ampicillin, cephalexin and chloramphenicol in activated sludge reactors. *Science of the Total Environment*, 755, 142632. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.142632>
- Zhu, P., Wang, Y., Shi, T., Huang, G., y Gong, J. (2018). Genetic Diversity of Benthic Microbial Eukaryotes in Response to Spatial Heterogeneity of Sediment Geochemistry in a Mangrove Ecosystem. *Estuaries and Coasts*, 41(3), 751–764. <https://doi.org/10.1007/s12237-017-0317-z>

XI. ANEXOS

Protocolo de extracción Wizard® Genomic DNA Purification Kit

- Se centrifugó el medio inoculado por 2 minutos a 13,000 x g.
- Se descartó el sobrenadante

Bacterias Gram Positivas

- Se resuspendieron las células en 480µL de EDTA 50mM.
- Se añadió 120 µL de enzima lítica (Lisozima).
- -Se incubó a 37°C por 30–60 minutos.
- Posteriormente, se centrifugó por 2 minutos 13,000 x g y se decantó el sobrenadante.

Bacterias Gram Negativas

- Pasar al siguiente paso.

Lisis Celular

- Se añadió 600µL de “*Nuclei Lysis Solution*” y se resuspendió suavemente.
- Se incubó por 5 minutos a 80°C, y posteriormente se dejó enfriar a temperatura ambiente.
- Se añadió 3µL de “*RNase Solution*”, y se mezcló, posteriormente se incubó a 37°C por 15–60 minutos, para después llevarla de nuevo a temperatura ambiente.

Precipitación de proteínas

- Se añadió 200µL de “*Protein Precipitation Solution*” y se mezcló en el vortex.
- Se incubó en hielo por 5 minutos.
- Se centrifugó por 2 minutos 13,000 x g.

Precipitación de ADN y rehidratación

- Se transfirió el sobrenadante anterior a un tubo nuevo con 600µL de isopropanol a temperatura ambiente.
- Se centrifugó por 2 minutos a 13,000 x g y se decantó el sobrenadante.
- Se añadió 600µL de etanol al 70% a temperatura ambiente y se mezcló, y para centrifugarse posteriormente a 13,000 x g por 2 minutos.
- Se aspiró el etanol y dejar secar por 15 minutos a temperatura ambiente.
- Se rehidrató el pellet de DNA en 100µL con “*Rehydration Solution*” toda la noche a 4°C.

Protocolo de purificación de ADN de sedimentos con Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System

Preparación de muestra

- Se añadió un volumen igual de “*Membrane Binding Solution*” a la solución con DNA, posteriormente se mezcló homogéneamente.

Unión de DNA

- Se insertó la “SV Minicolumn” en un tubo de recolección, en el cual se vertió el volumen de DNA a limpiar dejándose a incubar por 1 minuto a temperatura ambiente.
- Se centrifugó por 1 minuto a 13,000 x g y se decantó el precipitado.

Lavado

- Se añadió 700µL de “*Membrane Wash Solution*” y se centrifugo por 1 minuto a 13,000 x g y se decantó el precipitado.
- Se repitió el paso anterior pero ahora con volumen de 500 µLy se centrifuga por 5 minutos.
- Centrifugar solamente la “SV Minicolumn” por 1 minuto a 13,000 x g para retirar completamente los residuos de etanol.

Elución

- Se transfirió cuidadosamente la “SV Minicolumn” a un tubo de microcentrífuga limpio.
- Se añadió 50µLde agua libre de nucleasas, se incubo por 1 minuto a temperatura ambiente, para posteriormente ser centrifugado 1 minuto a 13,000 x g.
- Por último, se descarta la “SV Minicolumn”, y se conserva el DNA a 4°C o -20°C.

Tabla 20. Pruebas bioquímicas para identificación de indicadores fecales y bacterias patógenas.

Prueba Bioquímica	<i>Escherichia coli</i>	<i>Enterococcus spp.</i>
Agar TSI	Inoculo en tubo inclinado por picadura hasta el fondo y estría en la superficie. Se incubó por 24h a $37 \pm 1^\circ\text{C}$.	
Resultado Esperado	A/A	
Movilidad – Indol - Ornitina	Inoculo en medio semisólido MIO por picadura hasta el fondo con un asa recta, Se incubó por 24 horas a $37 \pm 1^\circ\text{C}$.	
Resultado Esperado	Resultado positivo de color rojo dado por la reacción del reactivo de Kovac's y la triptofanasa.	
Rojo de Metilo y Voges Proskauer	Inoculó por medio MR-VP liquido por inoculación directa y agitación. Se incubo $37 \pm 1^\circ\text{C}$ durante 24 horas,	
Resultado Esperado	Rojo de Metilo: Rojo Voges Proskauer: Coloración roja después de unos cuantos minutos	
Citrato de Simmons	Inóculo en tubo inclinado por estría en la superficie. Se incubó por 24h a $37 \pm 1^\circ\text{C}$.	
Resultado Esperado	Negativo: Sin cambio de coloración del medio	
Bilis Esculina		Inóculo en tubo inclinado por picadura hasta el fondo y estría en la superficie. Se incubó por 24h a $37 \pm 1^\circ\text{C}$.
Resultado Esperado		Positivo: Ennegrecimiento de la superficie para bacterias del género <i>Enterococcus</i> .

Prueba Bioquímica	<i>Salmonella sp.</i>	<i>Vibrio spp.</i>	<i>Aeromonas spp.</i>
Agar TSI	Inóculo en tubo inclinado por picadura hasta el fondo y estría en la superficie. Se incubó por 24h a 37 ± 1°C.		
Resultado Esperado	Pico alcalino/fondo ácido (K/A, pico violeta/fondo violeta), Producción de SH ₂ (Coloración negra del medio)		
Agar LIA	Inóculo en tubo inclinado por picadura hasta el fondo y estría en la superficie. Se incubo por 24h a 37 ± 1°C.	Inóculo en tubo inclinado por picadura hasta el fondo y estría en la superficie. Se incubo por 24h a 37 ± 1°C.	Inóculo en tubo inclinado por picadura hasta el fondo y estría en la superficie. Se incubo por 24h a 37 ± 1°C.
Resultado Esperado	Pico alcalino/fondo alcalino (K/K, pico violeta/fondo violeta), Producción de SH ₂ (Coloración negra del medio)	Descarboxilación de Lisina; Reacción alcalina del medio (Vira a color purpura), No hay producción de SH ₂ , Desaminación de lisina; ; no hay cambio de color en el medio, Gas; Sin producción de burbujas en el medio	Descarboxilación de Lisina; Reacción alcalina del medio (Vira a color purpura), No hay producción de SH ₂ , Desaminación de lisina; ; no hay cambio de color en el medio, Gas; Con producción de burbujas en el medio
Urea	Inóculo en tubo inclinado por picadura hasta el fondo y estría en la superficie. Se incubó por 24h a 37 ± 1°C.		
Resultado Esperado	Sin cambio de coloración del medio		
Citrato de Simmons	Inóculo en tubclinado por picadura hasta el fondo y estría en la superficie. Se incubo por 24h a 37 ± 1°C.		
Resultado Esperado	Viraje del medio color azul por la presencia de azul bromotimol		
Oxidasa		Reacción en papel filtro entre inoculo y reactivo Solución al 1% de NNN'N', tetrametil, 1-4 fenilendiamina en agua destilada	Reacción en papel filtro entre inoculo y reactivo Solución al 1% de NNN'N', tetrametil, 1-4 fenilendiamina en agua destilada
Resultado Esperado		Viraje a color rojo o purpura	Viraje a color rojo o purpura
MIO		Medio semisólido horizontal, siembra del inoculo por picadura	Medio semisólido horizontal, siembra del inoculo por picadura
Resultado Esperado		Movilidad: presencia de turbidez, Indol: Halo rojo a la adición del reactivo de Kovacs, Ornitina; Medio color morado	Movilidad: presencia de turbidez, Indol: Halo rojo a la adición del reactivo de Kovacs, Ornitina; Medio color morado
Prueba Bioquímica	<i>Salmonella sp.</i>	<i>Vibrio spp.</i>	<i>Aeromonas spp.</i>
Agar Hierro Klieger		Inóculo en tubo inclinado por picadura hasta el fondo y estría en la superficie. Se incubo por 24h a 37 ± 1°C.	Inoculo en tubo inclinado por picadura hasta el fondo y estría en la superficie. Se incubo por 24h a 37 ± 1°C.

Resultado Esperado		Fermentación de glucosa/lactosa; Color amarillo del medio por fermentación de glucosa/ fondo amarillo, Formación de SH ₂ ; No hay producción de SH ₂ , Gas; Sin producción de burbujas en el medio.	Fermentación de glucosa/lactosa; Color amarillo del medio por fermentación de glucosa/ fondo amarillo, Formación de SH ₂ ; No hay producción de SH ₂ , Gas; Con producción de burbujas en el medio.
Crecimiento en caldo nutritivo al 6% de NaCl		Crecimiento en altas concentraciones de sal	
Resultado Esperado		Desarrollo de turbidez por crecimiento en el medio	
Crecimiento en caldo nutritivo al 3% de NaCl			Crecimiento en altas concentraciones de sal
Resultado Esperado			Desarrollo de turbidez por crecimiento en el medio
Rojo de Metilo y Voges Proskauer		Inóculo por medio MR-VP líquido por inoculación directa y agitación. Se incuba 37 ± 1°C durante 24 horas,	Inóculo por medio MR-VP líquido por inoculación directa y agitación. Se incuba 37 ± 1°C durante 24 horas,
Resultado Esperado		<i>VP; Vibrio cholerae:</i> desarrollo de color rojo dentro de los 15 minutos, <i>Vibrio parahemolyticus:</i> no hay desarrollo de color, RM; <i>Vibrio parahemolyticus:</i> El reactivo se torna amarillo-naranja, <i>Vibrio cholerae;</i> El reactivo permanece rojo al agregar el indicador.	VP; Desarrollo de color a los 15 minutos, RM: el medio permanece rojo

	Ampicilina	Kanamicina	Vancomicina	Cloranfenicol	Cefotaxima	Tetraciclina	Ciproflaxacino	BlaND	Bla VIM	Int 1	BlaCTX-M	Sul1	Sul2	qnr5	Van A	BlaKPC	tetA	alp	Optr	CZC	ArsB	
Kanamicina	-0.218																					
Vancomicina	0.046	-0.329																				
Cloranfenicol	-0.039	-0.026	-0.125																			
Cefotaxima	-0.077	0.260	-0.160	-0.129																		
Tetraciclina	-0.012	-0.122	0.062	0.035	-0.266																	
Ciproflaxacino	0.121	-0.340	-0.085	0.170	-0.139	0.182																
BlaND	-0.039	0.027	0.004	-0.081	0.004	-0.025	-0.074															
Bla VIM	-0.226	0.190	-0.093	0.077	0.216	-0.071	-0.198	0.128														
Int 1	0.149	-0.292	0.094	0.141	-0.264	0.298	0.106	-0.029	-0.093													
BlaCTX-M	0.100	-0.084	-0.078	0.029	0.109	-0.011	0.069	0.041	0.146	0.019												
Sul1	0.054	0.178	-0.024	-0.037	0.072	-0.074	-0.156	-0.044	-0.006	-0.098	0.038											
Sul2	0.067	0.179	-0.110	-0.076	0.060	-0.122	-0.215	0.046	0.126	-0.117	0.014	0.730										
qnr5	-0.065	0.064	-0.034	-0.016	0.103	-0.015	-0.067	0.101	0.023	-0.025	-0.100	0.047	0.175									
Van A	-0.086	-0.039	0.096	0.168	0.059	-0.005	0.006	0.050	0.141	-0.043	0.137	0.158	0.081	0.182								
BlaKPC	-0.100	-0.065	0.073	0.033	-0.088	0.081	-0.007	0.057	0.077	-0.049	0.018	0.076	0.074	-0.003	-0.005							
tetA	-0.064	-0.018	-0.119	0.005	0.046	-0.077	-0.166	0.108	-0.001	-0.234	0.130	0.002	0.115	0.143	-0.084	0.097						
alp	0.054	-0.010	-0.001	0.032	0.132	-0.191	-0.022	-0.010	0.124	-0.170	-0.133	0.162	-0.009	0.211	0.215	-0.143	-0.063					
Optr	-0.030	0.079	-0.111	-0.101	0.002	-0.084	-0.074	-0.030	-0.043	0.037	-0.068	0.059	0.132	0.092	0.112	-0.128	0.051	0.252				
CZC	-0.063	0.073	0.054	0.021	-0.090	-0.122	-0.014	0.098	0.050	0.007	-0.222	0.167	0.029	0.014	-0.031	-0.059	0.012	0.208	0.132			
ArsB	0.057	0.039	-0.096	-0.085	-0.066	-0.154	-0.147	0.066	0.186	-0.047	0.126	-0.009	0.041	0.106	-0.016	0.019	0.098	0.063	0.088	-0.102		
pbv	-0.113	0.049	-0.087	0.037	0.130	-0.119	-0.117	0.039	0.081	-0.104	-0.088	0.103	0.131	0.389	0.223	-0.061	0.102	0.204	-0.072	0.131	-0.055	

Figura 25. Valores de correlograma de resistencia fenotípica y genes de resistencia

Tabla 21. Sitios y coordenadas de los sitios de recolección de sedimento de manglares

Manglar Termoeléctrica	
Punto	Coordenadas
TE1	-112.096709, 24.819736,
TE2	-112.096506, 24.819772,
TE3	-112.096343, 24.819688
TE4	-112.095312, 24.819165
TE5	-112.093959, 24.819113
TE6	-112.094863, 24.818028
TE7	-112.09517, 24.817467
TE8	-112.09646, 24.817316
TE9	-112.096475, 24.817293
TE10	-112.096511, 24.817301
TE11	-112.096791, 24.81707
TE12	-112.097172, 24.817447
Manglar Banderitas	
Punto	Coordenadas
B1	-112.111161, 24.858547
B2	-112.111431, 24.859033
B3	-112.111499, 24.859112
B4	-112.111939, 24.859554
B5	-112.111018, 24.862219
B6	-112.11033, 24.863246
B7	-112.110266, 24.861901
B8	-112.108785, 24.862408
B9	-112.108029, 24.859657
B10	-112.109429, 24.859897
B11	-112.109878, 24.859373
B12	-112.102159, 24.854893
Manglar Estero Zacatecas	
Punto	Coordenadas
EZ1	-110.436392, 24.172742
EZ2	-110.437248, 24.175371
EZ3	-110.436112, 24.176948
EZ4	-110.434756, 24.174964
EZ5	-110.433927, 24.1754
EZ6	-110.433527, 24.174665
EZ7	-110.433875, 24.174492
EZ8	-110.434276, 24.173941
EZ9	-110.434103, 24.17317
EZ10	-110.433757, 24.172341
EZ11	-110.43313, 24.172389
EZ12	-110.432992, 24.172157
Manglar Cola de Ballena	
Punto	Coordenadas
CB1	-110.364374, 24.113013
CB2	-110.363206, 24.112944
CB3	-110.362235, 24.111664
CB4	-110.354247, 24.112159
CB5	-110.35329, 24.11234
CB6	-110.35176, 24.11281

Tabla 22. Matriz de concentraciones de metales pesados sitio Termoeléctrica.

Punto	Profundidad	As	Cr	Cu	Ni	Pb	Zn	Hg
230	1	No Det	0.22233333	0.04433333	0.37466667	0.05466667	0.829	0.24333333
230	1	No Det	0.22233333	0.04433333	0.37466667	0.05466667	0.829	0.25
230	1	No Det	0.22243333	0.04443333	0.37476667	0.05476667	0.8291	0.25
230	2	No Det	0.396	0.038	0.433	0.08666667	0.89733333	0.23933333
230	2	No Det	0.396	0.038	0.433	0.08666667	0.89733333	0.24
230	2	No Det	0.3961	0.0381	0.4331	0.08676667	0.89743333	0.24
231	1	No Det	0.717	0.07633333	0.477	0.191	1.079	0.24433333
231	1	No Det	0.717	0.07633333	0.477	0.191	1.079	0.244
231	1	No Det	0.7171	0.07643333	0.4771	0.1911	1.0791	0.245
231	2	No Det	0.5815	0.0925	0.4505	0.206	1.0695	0.2125
231	2	No Det	0.5815	0.0925	0.4505	0.206	1.0695	0.215
231	2	No Det	0.5816	0.0926	0.4506	0.2061	1.0696	0.216
233	1	No Det	0.268	0.05666667	0.34266667	0.39866667	0.79566667	0.20766667
233	1	No Det	0.268	0.05666667	0.34266667	0.39866667	0.79566667	0.208
233	1	No Det	0.2681	0.05676667	0.34276667	0.39876667	0.79576667	0.209
233	2	No Det	0.54633333	0.04866667	0.50433333	0.101	1.074	0.31333333
233	2	No Det	0.54633333	0.04866667	0.50433333	0.101	1.074	0.312
233	2	No Det	0.54643333	0.04876667	0.50443333	0.1011	1.0741	0.315
234	1	No Det	0.68166667	0.08466667	0.47433333	0.37466667	1.07133333	0.239
234	1	No Det	0.68166667	0.08466667	0.47433333	0.37466667	1.07133333	0.239
234	1	No Det	0.68176667	0.08476667	0.47443333	0.37476667	1.07143333	0.238
234	2	No Det	0.61066667	0.11433333	0.499	0.42266667	1.09333333	0.23566667
234	2	No Det	0.61066667	0.11433333	0.499	0.42266667	1.09333333	0.2356
234	2	No Det	0.61076667	0.11443333	0.4991	0.42276667	1.09343333	0.2358
235	1	0	0.268	0.05666667	0.34266667	0.39866667	0.79566667	0.20766667
235	1	0	0.26816667	0.05666683	0.34266683	0.39866683	0.79566683	0.208
235	1	0	0.26833333	0.0566665	0.3426665	0.3986665	0.7956665	0.209
235	2	0	0.54633333	0.04866667	0.50433333	0.101	1.074	0.31333333
235	2	0	0.54633433	0.04866667	0.50433433	0.101001	1.074001	0.313
235	2	0	0.54633533	0.04866667	0.50433533	0.101002	1.074002	0.314
236	1	No Det	0.39866667	0.06566667	0.47833333	0.15266667	1.266	0.337
236	1	No Det	0.39866667	0.06566667	0.47833333	0.15266667	1.266	0.338
236	1	No Det	0.39876667	0.06576667	0.47843333	0.15276667	1.2661	0.338

236	2	No Det	0.345	0.07666667	0.13866667	0.18833333	14.5393333	0.15433333
236	2	No Det	0.345	0.07666667	0.13866667	0.18833333	14.5393333	0.1545
236	2	No Det	0.3451	0.07676667	0.13876667	0.18843333	14.5394333	0.1542
237	1	No Det	0.243	0.116	0.423	0.15366667	0.95533333	0.257
237	1	No Det	0.345	0.07666667	0.13866667	0.18833333	14.5393333	0.256
237	1	No Det	0.3451	0.07676667	0.13876667	0.18843333	14.5394333	0.255
237	2	No Det	0.23233333	0.044	0.36666667	0.14266667	0.803	0.26233333
237	2	No Det	0.23233333	0.044	0.36666667	0.14266667	0.803	0.262
237	2	No Det	0.23243333	0.0441	0.36676667	0.14276667	0.8031	0.265
238	1	No Det	0.25866667	0.04233333	0.45733333	0.26633333	1.016	0.30466667
238	1	No Det	0.25866667	0.04233333	0.45733333	0.26633333	1.016	0.305
238	1	No Det	0.25876667	0.04243333	0.45743333	0.26643333	1.0161	0.305
238	2	No Det	0.27533333	0.045	0.49433333	0.286	0.88966667	0.35166667
238	2	No Det	0.27533333	0.045	0.49433333	0.286	0.88966667	0.34
238	2	No Det	0.27543433	0.045101	0.49443433	0.286101	0.88976767	0.36
240	1	No Det	0.19033333	0.05333333	0.33633333	0.142	0.88766667	0.24766667
240	1	No Det	0.19033333	0.05333333	0.33633333	0.142	0.88766667	0.241
240	1	No Det	0.19043433	0.05343433	0.33643433	0.142101	0.88776767	0.245
240	2	0.42133333	0.58566667	0.12533333	0.37	0	0.25066667	0.041
240	2	0.41	0.58576767	0.12543433	0.370101	0.000101	0.25076767	0.042
240	2	0.42	0.58556567	0.12523233	0.369899	0.000101	0.25056567	0.043
244	1	1.74433333	0.81133333	0.176	0.63633333	0.41766667	1.653	0.35
244	1	1.75	0.81133333	0.176	0.63633333	0.41766667	1.653	0.35
244	1	1.74	0.81166667	0.17566667	0.63666667	0.41733333	1.65333333	0.35
244	2	0.65166667	0.6985	0.15066667	0.50316667	0.20883333	0.95183333	0.1955
244	2	0.66	0.6985	0.15066667	0.50316667	0.20883333	0.95183333	0.194
244	2	0.67	0.69866667	0.15033333	0.50333333	0.2085	0.95216667	0.195
245	1	1.74433333	0.34766667	0.07733333	0.356	0.194	0.75633333	0.22766667
245	1	1.75	0.34766667	0.07733333	0.356	0.194	0.75633333	0.228
245	1	1.78	0.34783333	0.077	0.35616667	0.19366667	0.75666667	0.228
245	2	0.65166667	0.61916667	0.13466667	0.4985	0.2735	1.12038889	0.25772222
245	2	0.651	0.61933333	0.13466667	0.49883333	0.27333333	1.12072222	0.26
245	2	0.66	0.6195	0.13466667	0.49916667	0.27316667	1.12105556	0.284
246	1	No Det	0.22	0.069	0.387	0.2305	0.7815	0.2655
246	1	No Det	0.22016667	0.06916667	0.38716667	0.23066667	0.78166667	0.2655
246	1	No Det	0.22033333	0.06933333	0.38733333	0.23083333	0.78183333	0.2644

246	2	No Det	0.1865	0.0425	0.57	0.1395	0.864	0.2535
246	2	No Det	0.18666667	0.04266667	0.57016667	0.13966667	0.86416667	0.256
246	2	No Det	0.18683333	0.04283333	0.57033333	0.13983333	0.86433333	0.254
247	1	No Det	0.177	0.043	0.516	0.407	1.082	0.353
247	1	No Det	0.17716667	0.04316667	0.51616667	0.40716667	1.08216667	0.358
247	1	No Det	0.17733333	0.04333333	0.51633333	0.40733333	1.08233333	0.354
247	2	No Det	1.065	0.156	0.554	0.799	1.381	0.194
247	2	No Det	1.06516667	0.15616667	0.55416667	0.79916667	1.38116667	0.194
247	2	No Det	1.06533333	0.15633333	0.55433333	0.79933333	1.38133333	0.198

Tabla 23. Matriz de concentraciones de metales pesados sitio Banderitas

Punto	Profundidad	As	Cr	Cu	Ni	Pb	Zn	Hg
251	1	No Det	0.000	0.032	0.790	0.800	0.268	No Det
251	1	No Det	0.000	0.031	0.780	0.810	0.270	No Det
251	1	No Det	0.000	0.032	0.780	0.820	0.278	No Det
251	2	No Det	0.560	0.038	0.074	0.078	0.268	No Det
251	2	No Det	0.580	0.039	0.074	0.078	0.267	No Det
251	2	No Det	0.540	0.038	0.750	0.076	0.270	No Det
253	1	No Det	0.446	0.042	0.083	0.091	0.462	No Det
253	1	No Det	0.445	0.041	0.084	0.092	0.463	No Det
253	1	No Det	0.446	0.042	0.083	0.091	0.462	No Det
253	2	No Det	0.337	0.049	0.092	0.059	0.475	No Det
253	2	No Det	0.337	0.049	0.092	0.059	0.475	No Det
253	2	No Det	0.338	0.050	0.091	0.060	0.476	No Det
254	1	No Det	0.276	0.044	0.064	0.160	0.259	No Det
254	1	No Det	0.275	0.043	0.063	0.159	0.258	No Det
254	1	No Det	0.276	0.044	0.064	0.160	0.259	No Det
254	2	No Det	0.460	0.041	0.061	0.094	0.246	No Det
254	2	No Det	0.461	0.042	0.062	0.095	0.247	No Det
254	2	No Det	0.460	0.041	0.061	0.094	0.246	No Det
255	1	No Det	0.219	0.105	0.094	0.234	0.223	No Det
255	1	No Det	0.220	0.106	0.095	0.235	0.224	No Det
255	1	No Det	0.219	0.105	0.094	0.234	0.223	No Det
255	2	No Det	0.211	0.034	0.065	0.164	0.209	No Det
255	2	No Det	0.211	0.034	0.065	0.164	0.209	No Det
255	2	No Det	0.212	0.035	0.066	0.165	0.210	No Det
256	1	No Det	0.294	0.050	0.065	0.000	0.264	No Det
256	1	No Det	0.294	0.050	0.065	0.000	0.264	No Det
256	1	No Det	0.295	0.051	0.066	0.001	0.265	No Det
256	2	5	0.298	0.023	0.055	0.077	0.760	No Det
256	2	4.5	0.298	0.023	0.055	0.077	0.760	No Det
256	2	5.2	0.299	0.024	0.056	0.078	0.761	No Det
257	1	No Det	0.565	0.068	0.100	0.192	0.311	No Det
257	1	No Det	0.565	0.068	0.100	0.192	0.311	No Det
257	1	No Det	0.566	0.069	0.101	0.193	0.312	No Det
257	2	No Det	0.290	0.062	0.099	0.268	0.228	No Det
257	2	No Det	0.290	0.062	0.099	0.268	0.228	No Det
257	2	No Det	0.291	0.063	0.100	0.269	0.229	No Det

259	1	No Det	0.389	0.046	0.072	0.101	0.198	No Det
259	1	No Det	0.389	0.046	0.073	0.102	0.199	No Det
259	1	No Det	0.388	0.045	0.071	0.100	0.197	No Det
259	2	No Det	0.388	0.044	0.073	0.102	0.199	No Det
259	2	No Det	0.388	0.044	0.074	0.103	0.200	No Det
259	2	No Det	0.387	0.044	0.072	0.101	0.198	No Det
260	1	No Det	0.310	0.054	0.049	0.361	0.232	No Det
260	1	No Det	0.310	0.054	0.049	0.361	0.232	No Det
260	1	No Det	0.310	0.054	0.049	0.361	0.232	No Det
260	2	0.027	0.742	0.108	0.177	0.504	0.437	No Det
260	2	0.028	0.742	0.108	0.177	0.504	0.437	No Det
260	2	0.026	0.742	0.108	0.177	0.504	0.437	No Det
261	1	0.013	0.466	0.122	0.102	0.094	0.320	No Det
261	1	0.014	0.466	0.122	0.102	0.094	0.320	No Det
261	1	0.140	0.466	0.122	0.102	0.094	0.320	No Det
261	2	No Det	0.457	0.048	0.068	0.124	0.560	No Det
261	2	No Det	0.457	0.048	0.068	0.124	0.560	No Det
261	2	No Det	0.457	0.048	0.068	0.124	0.560	No Det
262	1	No Det	0.189	0.261	0.065	0.182	0.187	No Det
262	1	No Det	0.189	0.261	0.065	0.182	0.187	No Det
262	1	No Det	0.189	0.261	0.065	0.182	0.187	No Det
262	2	No Det	0.593	0.064	0.088	0.212	0.312	0.00166667
262	2	No Det	0.593	0.064	0.088	0.212	0.312	0.0015
262	2	No Det	0.593	0.064	0.088	0.212	0.312	0.0016
263	1	0.400	0.352	0.047	0.055	0.113	0.402	No Det
263	1	0.450	0.352	0.047	0.055	0.113	0.402	No Det
263	1	0.390	0.352	0.047	0.055	0.113	0.402	No Det
263	2	No Det	0.153	0.031	0.048	0.155	0.155	No Det
263	2	No Det	0.153	0.031	0.048	0.155	0.155	No Det
263	2	No Det	0.153	0.031	0.048	0.155	0.155	No Det
264	1	No Det	0.372	0.059	0.089	0.347	0.326	No Det
264	1	No Det	0.153	0.031	0.048	0.155	0.155	No Det
264	1	No Det	0.153	0.031	0.048	0.155	0.155	No Det
264	2	0.025	0.712	0.117	0.164	0.592	0.401	No Det
264	2	0.025	0.712	0.117	0.164	0.592	0.401	No Det
264	2	0.026	0.712	0.117	0.164	0.592	0.401	No Det
265	1	No Det	0.220	0.042	0.176	0.142	0.209	No Det
265	1	No Det	0.220	0.042	0.176	0.142	0.209	No Det
265	1	No Det	0.220	0.042	0.176	0.142	0.209	No Det

265	2	No Det	0.259	0.030	0.051	0.174	0.256	No Det
265	2	No Det	0.259	0.030	0.051	0.174	0.256	No Det
265	2	No Det	0.259	0.030	0.051	0.174	0.256	No Det

Tabla 24. Matriz de concentraciones de metales pesados sitio Estero Zacatecas.

Punto	Profundidad	As	Cr	Cu	Ni	Pb	Zn	Hg
265	1	No Det	0.387	0.078	0.060	0.457	0.40	No det
265	1	0.006	0.305	0.073	0.050	0.524	0.41	No det
265	1	0.006	0.346	0.076	0.055	0.491	0.40	No det
265	2	No Det	0.470	0.105	0.095	0.535	0.61	No det
265	2	No Det	0.531	0.133	0.132	0.577	0.74	No det
265	2	No det	0.501	0.119	0.114	0.556	0.67	No det
266	1	No Det	0.407	0.082	0.087	0.576	0.59	No det
266	1	0.143	0.451	0.085	0.104	0.311	0.69	No det
266	1	No Det	0.397	0.076	0.082	0.371	0.56	No det
266	2	No Det	0.248	0.314	0.046	0.449	0.25	No det
266	2	0.009	0.274	0.047	0.063	0.506	0.32	No det
266	2	No Det	0.310	0.053	0.052	0.251	0.36	No det
267	1	No Det	0.289	0.151	0.044	0.461	0.29	No det
267	1	0.138	0.280	0.147	0.047	0.339	0.27	No det
267	1	No Det	0.176	0.167	0.044	0.163	0.64	No det
267	2	0.181	0.451	0.048	0.066	0.541	0.42	No det
267	2	No Det	0.317	0.057	0.062	0.326	0.40	No det
267	2	No Det	0.151	0.085	0.065	0.261	0.34	No det
268	1	No Det	0.165	0.096	0.046	0.448	0.26	No det
268	1	0.097	0.150	0.113	23.790	0.606	1.30	No det
268	1	No Det	0.104	0.064	0.043	0.194	0.30	No det
268	2	No Det	0.131	0.027	0.028	0.344	0.24	No det
268	2	0.108	0.204	0.038	0.050	0.222	0.29	No det
268	2	0.108	0.204	0.038	0.050	0.222	0.29	No det
269	1	0.115	0.606	0.049	0.049	0.330	0.26	No det
269	1	No Det	0.515	0.034	0.019	0.102	0.15	No det
269	1	0.115	0.561	0.042	0.034	0.216	0.20	No det
269	2	0.058	0.240	0.049	0.076	0.616	0.39	0.008
269	2	0.255	0.275	0.072	0.080	0.403	0.45	No det
269	2	0.157	0.258	0.061	0.078	0.510	0.42	0.008
270	1	No Det	0.184	0.038	0.046	0.453	0.28	No det
270	1	0.106	0.221	0.056	0.062	0.418	0.40	No det
270	1	No Det	0.079	0.029	0.030	0.110	0.26	No det
270	2	No Det	0.203	0.277	0.046	0.498	0.31	No det
270	2	0.131	0.280	0.324	0.052	0.364	0.36	No det
270	2	No Det	0.127	0.705	0.030	0.141	0.23	No det
271	1	No Det	0.110	0.053	0.043	0.110	0.29	No det
271	1	No Det	0.324	0.071	0.065	0.159	0.45	No det
271	1	No Det	0.134	0.066	0.033	0.090	0.30	No det
271	2	No Det	0.214	0.053	0.055	0.160	0.27	0.017

271	2	No Det	0.121	0.038	0.036	0.127	0.24	No Det
271	2	No Det	0.101	0.039	0.036	0.112	0.24	No det
272	1	No Det	2.171	0.025	30.142	0.000	0.04	1.219
272	1	No Det	2.171	0.025	30.142	0.000	0.04	1.219
272	1	No Det	2.170	0.024	30.141	0.000	0.04	1.218
272	2	No Det	2.172	0.026	30.143	0.000	0.04	1.220
272	2	No Det	2.171	0.025	30.142	0.000	0.04	1.219
272	2	No Det	2.171	0.025	30.142	0.000	0.04	1.219
274	1	0.115	0.606	0.049	0.049	0.330	0.26	0.000
274	1	No Det	0.515	0.034	0.019	0.102	0.15	0.000
274	1	0.115	0.561	0.042	0.034	0.216	0.20	No det.
274	2	0.012	0.446	0.050	0.072	0.717	0.41	0.018
274	2	0.058	0.606	0.049	0.033	0.216	0.22	No det
274	2	0.057	0.605	0.048	0.035	0.215	0.22	No det
275	1	No Det	0.169	0.101	0.051	0.171	0.33	No det
275	1	0.043	0.196	0.069	0.056	0.419	0.29	No det
275	1	No Det	0.152	0.053	0.031	0.393	0.23	No det
275	2	0.107	0.339	0.062	0.071	0.389	0.43	No det
275	2	No Det	0.284	0.067	0.081	0.224	0.42	No det
275	2	0.0535	0.312	0.0645	0.076	0.307	0.43	No det
276	1	No Det	0.205	0.052	0.037	0.523	0.26	No det
276	1	No Det	0.106	0.045	0.031	0.197	0.21	No det
276	1	No Det	0.156	0.0485	0.034	0.360	0.23	No det
276	2	No Det	0.242	0.085	0.049	0.517	0.46	No det
276	2	No Det	0.162	0.122	0.070	0.154	0.48	No det
276	2	No Det	0.202	0.1035	0.060	0.336	0.47	No Det
277	1	0.005	0.599	0.041	0.025	0.490	0.14	No det
277	1	No Det	0.141	0.042	0.024	0.418	0.19	No det
277	1	No Det	0.047	0.044	0.014	0.089	0.15	No det
277	2	0.002	0.263	0.042	0.021	0.331	0.16	No det
277	2	0.002	0.262	0.043	0.020	0.332	0.16	No det
277	2	0.002	0.262	0.045	0.022	0.331	0.16	No det
278	1	0.125	0.173	0.049	0.037	0.336	0.26	No det
278	1	0.124	0.173	0.049	0.038	0.336	0.26	No det
278	1	0.126	0.174	0.049	0.036	0.338	0.26	No det
278	2	No Det	0.318	0.071	0.084	0.514	0.46	0.005
278	2	No Det	0.318	0.071	0.009	0.514	0.46	0.005
278	2	No Det	0.319	0.072	0.009	0.518	0.46	0.005

Tabla 25. Matriz de concentraciones de metales pesados sitio Cola de Ballena.

Punto	Profundidad	As	Cr	Cu	Ni	Pb	Zn	Hg
280	1	No Det	0.453	0.421	0.108	0.270	0.817	No Det
280	1	No Det	0.526	0.976	0.186	0.397	1.515	No Det
280	1	No Det	0.658	0.903	0.218	0.463	1.660	No Det
280	2	No Det	0.716	1.323	0.272	0.541	2.118	No Det
280	2	No Det	0.467	1.006	0.191	0.393	1.531	No Det
280	2	No Det	0.724	1.166	0.242	0.491	1.813	No Det
281	1	No Det	0.457	0.850	0.155	0.386	1.395	No Det
281	1	No Det	0.730	1.393	0.296	0.619	2.118	No Det
281	1	No Det	0.594	1.122	0.226	0.503	1.757	No Det
281	2	No Det	0.528	0.596	0.170	0.341	1.119	No Det
281	2	No Det	0.530	0.834	0.162	0.376	1.289	No Det
281	2	No Det	0.391	0.710	0.153	0.326	1.008	0.008
282	1	No Det	0.500	0.838	0.151	0.387	1.158	No Det
282	1	No Det	0.371	0.734	0.161	0.370	1.077	No Det
282	1	No Det	0.265	0.735	0.141	0.352	0.991	No Det
282	2	No Det	0.605	1.087	0.199	0.463	1.370	0.007
282	2	No Det	0.461	0.797	0.165	0.374	1.107	No Det
282	2	No Det	0.418	0.825	0.161	0.398	0.994	No Det
283	1	No Det	0.518	0.627	0.177	0.378	1.229	No Det
283	1	No Det	0.498	0.784	0.184	0.371	1.165	No Det
283	1	No Det	0.518	0.627	0.177	0.378	1.229	No Det
283	2	No Det	0.335	0.399	0.102	0.227	0.687	No Det
283	2	No Det	0.349	0.395	0.100	0.218	0.665	No Det
283	2	No Det	0.329	0.694	0.101	0.202	0.738	No Det
284	1	No Det	0.236	0.297	0.073	0.146	0.555	No Det
284	1	No Det	0.277	0.350	0.116	0.178	0.676	No Det
284	1	No Det	0.306	0.367	0.099	0.183	0.722	No Det
284	2	No Det	0.330	0.344	0.094	0.179	No Det	No Det
284	2	No Det	0.330	0.344	0.094	0.179	No Det	No Det
284	2	No Det	0.330	0.344	0.094	0.179	No Det	No Det
285	1	No Det	0.617	0.888	0.202	0.455	1.641	No Det
285	1	No Det	0.640	0.707	0.225	0.406	1.504	No Det
285	1	No Det	0.640	0.526	0.248	0.357	1.367	No Det
285	2	0.144	0.256	0.351	0.081	0.061	0.631	No Det
285	2	0.047	0.357	0.429	0.110	0.100	0.732	No Det
285	2	0.144	0.256	0.351	0.081	0.061	0.631	1.726