



Análisis bioquímico y molecular de la variabilidad microbiológica de playas del Golfo de México

Michel Rivera Granados¹, Sashenka Bonilla Rojas¹, Alfonso Alexander Aguilera¹, María Guadalupe Sánchez Otero¹ y Rodolfo Quintana Castro¹

1 Universidad Veracruzana. michhelri@gmail.com

Las bacterias son microorganismos que se encuentran en todos los ecosistemas y son capaces de sobrevivir en ellos y en diversos ambientes su presencia es indicativo de contaminación. Las playas ocupan el primer lugar en contaminación microbiológica y es el resultado del incremento de la población, de actividades agrícolas e industriales y el tratamiento inadecuado de aguas residuales. Esto ha generado problemáticas ecológicas y de salud. Habiendo indicadores muy específicos para valorar la calidad del agua como lo es la presencia de coliformes. Las playas son nichos ecológicos importantes y presentan condiciones variadas de temperatura, salinidad y pH para el desarrollo de diversas bacterias que además de ser indicadores clínicos poseen potencial biotecnológico. El presente trabajo tuvo como objetivo aislar e identificar cepas de microorganismos aisladas de cinco playas del puerto de Veracruz-Boca del Río. Se aislaron cepas a partir de columna de agua y sedimento marino a través de cultivos enriquecidos y mediante diluciones seriadas, hasta obtener cultivos axénicos. Estas cepas fueron caracterizadas morfológicamente, mediante pruebas bioquímicas convencionales y secuenciación, para lo cual se extrajo el DNA cromosómico para amplificar el gen 16S ribosomal. Los amplicones fueron secuenciados en la Unidad de Síntesis y Secuenciación del Instituto de Biotecnología de la UNAM. Una vez obtenidas estas secuencias, se corroboraron y analizaron mediante el programa Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) a través de la base de datos del National Center for Biotechnology Information (NCBI) obteniendo un alto porcentaje de homología que confirman la identidad de *Acinetobacter junii*, *Bacillus cereus*, *Acinetobacter baumannii* y *Enterococcus faecalis* entre otras. A partir del estudio se puede concluir la evidente presencia de microorganismos de importancia clínica, muchos de los cuales están asociados a multirresistencia a antibióticos y capacidad de comprometer la salud del ser humano y cuya presencia puede ser asociada a factores humanos o ambientales. Sin embargo, estas bacterias poseen genes que codifican para enzimas con potencial biotecnológico que podrían ser estudiadas en aplicaciones futuras.