

Biodiversidad bacteriana de microbiota de ecosistema de mangle rojo Ecuador**Bacterial biodiversity of red mangrove ecosystem microbiota Ecuador**TORRES RIOS, Wilson Cornelio¹, VÁSQUEZ GARCÍA, Ántero Celso²; REUPO PERICHE, José Teodoro³;
GAMARRA GONZÁLES, Julissa del Rocío⁴; CONDE MAZA, Livia Herlinda⁵¹ Universidad Técnica de Machala - Ecuador^{2,3} Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo⁴ Universidad San Martín de Porres⁵ Hospital Básico Lorena Serrano de El Guabo - Ecuador**RESUMEN**

Con el objetivo de medir la biodiversidad bacteriana específicamente se determinó la biodiversidad bacteriana específicamente en la cuenca baja del río Chaguana del Cantón el Guabo en la Provincia El Oro, Ecuador. Se obtuvieron 21 muestras y en ellas se identificaron especies de bacterias y se contó el número de especímenes por especie, los que fueron registrados en una hoja de cálculo Excel del Microsoft 2016, guardados con la extensión csv delimitados por comas. Se utilizó el software Species Diversity and Richness para determinar Índices de Biodiversidad Alfa (Índice de Shannon Wiener, equidad de Pielou y estadístico Q) y Beta. Se concluyó que las especies más abundantes fueron *Deltaproteobacterias*; *gammaproteobacterias*; *Chloroflexi*, entre otras. El índice de Shannon-Wiener varió desde 0,1895 en M4 hasta 3,367 en M19 con un valor promedio de 1,084. El estadístico Q varió desde 0 hasta 8,164. El índice de equidad de Pielou varió desde 0,0557 en M4 hasta 0,99 en M19. Los índices de Biodiversidad Beta fueron: Índice de Whittaker Bw 1,594; Índice de Routledge Bi = 0,2884; Índice de Routledge Be = 1,334; Índice de Wilson & Schmida = 1,309 e Índice de Harrison I = 3,182. Los índices determinados alcanzaron valores que permiten considerar a esta zona como de alta biodiversidad bacteriana.

Palabras clave: Diversidad Chaguana, ecosistema de mangle rojo, cuenca baja del río Chaguana.


ABSTRACT


In El Oro Province, it was determined to measure the bacterial biodiversity specifically in the lower basin of the Chaguana River in El Guabo Canton, for which the Shannon Wiener and Pielou Indices were used. Species of flora were identified in them; the number of specimens per species were recorded in a Microsoft Excel 2016 spreadsheet, saved with the csv extension delimited by commas. Species Diversity and Richness and PAST software were used to determine Alpha and Beta Biodiversity Indices. It was concluded that the most abundant families were Deltaproteobacteria; gammaproteobacteria; Chloroflexi, among others. The Shannon-Wiener index varied from 0.1895 in M4 to 3.367 in M19 with an average value of 1.084. The Pielou equity index ranged from 0.0557 in M4 to 0.99 in M19. The Q statistic ranged from 0 to 8.164. The Beta Biodiversity indices were: Whittaker Bw Index 1,594; Routledge Index Bi = 0.2884; Routledge Index Be = 1.334; Wilson & Schmida Index = 1.309 and Harrison Index I = 3.182. The determined indices reached values that allow this area to be considered as one of high bacterial biodiversity.


Keywords: Chaguana diversity, red mangrove ecosystem, lower Chaguana river basin.


© Los autores. Este artículo es publicado por la Revista UCV HACER Campus Chiclayo. Este es un artículo de acceso abierto, distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución - No Comercial - Compartir Igual 4.0 Internacional. (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>), que permite el uso no comercial, distribución y reproducción en cualquier medio, siempre que la obra original sea debidamente citada.


Recibido: 15 de febrero de 2022**Aceptado:** 29 de marzo de 2022**Publicado:** 01 de abril de 2022

¹Bioquímico Farmacéutico, Maestro en Salud Pública, Doctor en Ciencias Ambientales, Docente Titular Principal-Facultad de Ciencias Agropecuarias Universidad Técnica de Machala, e-mail: Wilsontorres375@gmail.com,  <https://orcid.org/0000-0002-4756-6373>, Ecuador

²Biólogo Pesquero, Maestro en Ciencias con mención en Evaluación y Administración de Recursos Pesqueros, Doctor en Medicina Ambiente, Profesor Principal Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, e-mail: anterovasquez@gmail.com,  <https://orcid.org/0000-0001-7629-6475>, Perú.

³Licenciado en Biología Microbiología-Parasitología, Maestro en Ciencias con mención en Microbiología, Docente-Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, e-mail: jreupo@unprg.edu.pe,  <https://orcid.org/0000-0003-2030-3191>, Perú

⁴Ingeniera Química, Maestra en Ciencias de la Educación con mención en Docencia y Gestión Universitaria, Docente Universidad César Vallejo, e-mail: Juli_0549@hotmail.com,  <https://orcid.org/0000-0001-7629-6475>, Perú.

⁵Bioquímica Farmacéutica, Maestra en Salud Pública, Técnico de Laboratorio 3-Hospital Básico Lorena Serrano de El Guabo, e-mail: liviahcm@hotmail.com,  <https://orcid.org/0000-0003-1735-4035>, Ecuador.

INTRODUCCIÓN

Biodiversidad es un término que se refiere a la variabilidad de organismos vivos que ocupan un lugar determinado, incluye diversidad genética, de especies y de ecosistemas.

La biodiversidad abarca toda la variedad de seres vivos que estructuran la biosfera, organizan la vida de forma bien definida expresada en sus biomoléculas. Incluye todas y cada una de las especies de bacterias, animales, plantas que cohabitan con nosotros en el planeta, los espacios o ecosistemas de los que forman parte y los genes que hacen a cada especie, y dentro de ellas a cada individuo, diferente del resto. (Dorado, 2010)

El ecosistema de *Rizophora mangle* (mangle rojo) que en Ecuador es muy extenso, propicia el desarrollo de múltiples especies animales dentro de los que se encuentra *Litopenaeus vannamei* (camarón blanco) que tiene un significativo valor económico en la economía, habiéndose reportado la existencia de 1 402 camaronerías, que, desde hace 50 años, por la producción y exportación, generan altos niveles de ingreso; aproximadamente \$801,45 millones de dólares en 2020 equivalente al 0,7% del PIB.

El camarón junto con el banano y plátano constituyeron el 86,2% de las exportaciones tradicionales; sin embargo, el camarón lo superó con \$595,4 millones de dólares en 2019, además, su tasa promedio de crecimiento interanual varió desde 18,4% en 2010 al 2019 (12,9% más que el banano y plátano).

Clúster Camarón (2018) reportó que fueron 10 grandes empresas productoras de camarón blanco, la mayoría de ellas en Guayaquil, Durán y Machala (indicaron que Promaoro se ubicó en el puesto 6) y Distrisoda en el puesto 8). Muñoz, Durán & González, 2017, p. 3) analizaron las ventajas comparativas y competitivas del sector camaronero en Provincia de El Oro debido a que ocupa el segundo lugar a nivel nacional de producción camaronera.

El sector camaronero es el segundo rubro en exportaciones no petroleras que mayores ingresos le aporta a la economía ecuatoriana, por ello merece una mayor atención del gobierno nacional para generar propuestas de valor encaminadas a desarrollar estrategias propositivas e integrales

que permitan a los empresarios a competir en un mercado internacional cada vez más exigente.

El conocimiento biológico de la estructura de la materia, ubica a las bacterias como organismos esenciales para la mineralización de la materia orgánica y como controladores por exclusión competitiva de otros organismos patógenos y en el caso de las camaronerías, es fundamental porque desde el ingreso de larvas a las piscinas de crecimiento, alimentación, ecdisis y otros procesos metabólicos se producen metabolitos que en la mayoría de los casos llegan a ser tóxicos, sino se maneja con adecuado cuidado.

En ese contexto surgió la idea de identificar las especies de bacterias en el ecosistema de *Rizophora mangle* (mangle rojo), una especie, propia de áreas marino-costeras, en trópicos y subtropicos del planeta. En América Latina ampliamente distribuido desde México hasta Piura, Perú.

En los últimos 30 años, se ha desarrollado el término Metagenómica para referirse al estudio de material genético de bacterias, recuperado directamente del medio ambiente en un ecosistema determinado. También se le conoce con el nombre de Genómica Ambiental, Ecogenómica o Genómica de la Comunidad. Cortés, Ordóñez y Domínguez (2020) indicaron que, la metagenómica utiliza técnicas de biología molecular para analizar la diversidad de los genomas microbianos (metagenomas).

Merchán, Torres y Díaz (2017) reportaron que la secuenciación del ADN (descrito por Sanger en 1977) por técnicas moleculares, es una técnica que determina la secuencia completa y el orden de las bases Adenina, Citosina, Guanina y Timina en un fragmento de ADN. Se incluyen también la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) y el uso de paquetes computacionales.

Intriago, et al., (2018) reportaron que la metagenómica dirigida al ADN ribosómico bacteriano representa una potente herramienta para analizar la microbiota del camarón y evaluar mezcla de bacterias probióticas. en particular a nivel de la riqueza específica y los incrementos generalmente significativos de las sobrevivencias en todas las condiciones

Las bacterias autóctonas fueron bioaumentadas en

condiciones de laboratorio y posteriormente adicionarlas a las camaroneras para mejorar la calidad del agua e incrementar la productividad y calidad del camarón blanco. La identificación se hizo a nivel de ADN bacteriano y desde filo, hasta orden, familia y especie. En este trabajo fue necesario una secuenciación de ADN con equipos de la más alta tecnología existente en el planeta. Consideramos que experiencias o experimentos posteriores o similares podrían aportar más al cabal conocimiento científico de los procesos biológicos en esta importante actividad económica ecuatoriana.

En este contexto la medición de la diversidad a nivel de especies de bacterias, se orienta a brindar conocimiento sobre lo bueno de aquello que, a simple vista, no se puede apreciar; sin embargo, entenderla, es fundamental en todos los aspectos científicos, tecnológicos, sociales y económicos.

Russel Mittermeier (1997) citado por Batlle (2020, p.1) desarrolló el término de países megadiversos, estimó que los 17 países con mayor diversidad del planeta ocupan menos del 10% de la superficie terrestre, pero albergan el 70% de las especies reconocidas. Perú, está en ese grupo por la diversidad de climas, el relieve y sus numerosos endemismos; 30% y de 4 400 especies con propiedades conocidas con y el primero en especies nativas domesticadas con 128 especies; 28 climas diferentes de los 32 posibles en el mundo y con 84 de las 103 zonas ecológicas existentes en el planeta.

Los objetivos de este informe son:

Identificar las especies de bacterias componentes de la microbiota del mangle rojo extraída del estuario del río Chaguana que se utilizó para mejorar las condiciones de cultivo de camarón blanco en la camaronera.

Determinar índices de biodiversidad Alfa (Shannon –Wiener, Estadístico Q, e índice de equidad de Pielou) de bacterias del ecosistema de mangle rojo extraída del estuario del río Chaguana que fueron utilizadas para mejorar la calidad del agua en la camaronera.

Determinar índices de biodiversidad Beta de la microbiota del ecosistema de mangle rojo extraída del estuario del río Chaguana que fueron utilizadas para mejorar la calidad del agua en la camaronera.

METODOLOGÍA

El área de estudio, fue el ecosistema del mangle rojo ubicado en el estuario del río Chaguana del Cantón el Guabo, Provincia El Oro, Ecuador.

El objeto de estudio la fue Microbiota autóctona del mangle rojo, la que fue bioaumentada con melaza en condiciones controladas de alimentación, temperatura, oxigenación, Nitratos, Nitritos, pH. Las 21 muestras de la microbiota autóctono.

La secuenciación de escopeta de las muestras medio ambientales siguió un protocolo que constó de las siguientes fases:

Toma de muestras del hábitat;

Filtración de partículas por tamaño;

Lisis y extracción de ADN;

Clonación y construcción de la biblioteca;

Secuenciación de los clones; y,

Ensamble de secuencias en escaleras y andamios.

Para la captación in situ de la microbiota autóctona se aplicó protocolo previamente establecido, que incluye barreras de protección personal, objetos de acero inoxidable para la toma de muestra, procurando que sean lo más representativa posible considerando la capa superficial del sedimento, así como las raíces y zonas bentónicas del mangle rojo. El material obtenido se coloca en recipientes plásticos de tapa ancha enroscable de 500 ml de capacidad, se rotula y se coloca en dispositivos refrigerados que contienen hielo triturado para mantener la temperatura por debajo de 8°C, hasta ser transportada al laboratorio.

Las muestras recolectadas fueron procesadas de acuerdo a los protocolos establecidos para obtener una muestra madre, y a partir de esta un consorcio bacteriano que fue sometido a un periodo de incubación de ocho días en condiciones anaerobias.

El análisis metagenómico de la microbiota autóctona extraída de rizomas de mangle rojo, la microbiota procesada en el laboratorio y la bioaumentada obtenida en la unidad de producción se procesó en el Instituto de Capacitaciones de Biotecnología (INCA BIOTEC), en la provincia de Tumbes - República del Perú, donde se extrajo el ADN y se replica

utilizando la técnica de PCR.

La secuenciación del ADN extraído del material metagenómico se realizó a través del intercambio científico entre INCA-BIOTEC y la Empresa Alemana StarSEQ con sede en Mainnz-Alemania, utilizando la técnica Illumina Mi Seq, generadas a través del software QIIME versión 1.9.1

Para la Metagenómica de la microbiota que permitió conocer a plenitud la biodiversidad microbiana se aplicaron técnicas de extracción, comprobación y secuenciación del ADN de la microbiota utilizada en la biorremediación del agua. Para lograrlo se desarrolló el protocolo siguiente:

Homogenización del material recolectado

Se aplicó la técnica Kit Power Soil® DNA Isolation Kit de suelo marino siguiendo a MO BIO (2021), se realizó un Pool, para obtener muestras representativas de los diversos sitios de muestreo. La muestra homogenizada se rotula como "M", de la cual se toma 0.25 mg para la extracción de ADN; y otro tipo de muestra denominada CO-CULTIVO, de la cual se centrifugo 12 ml a 10 000 rpm por 5 minutos. Del sedimento se toma con pipeta automática 400 µL codificándose como muestra "C".

Extracción de ADN

Se adicionaron 0.25 g de muestra en análisis en los tubos Power Bead.

Se agitó la muestra hasta lograr su homogenización.

Se agregó 60 µl de la solución C1 e invirtió varias veces. Previamente se verificó que la solución C1, no Haya precipitada; en algún caso fue calentado a 60°C para su disolución.

Se agitó vigorosamente por 10 minutos.

Se centrifugó a 10,000 rpm por 30 segundos.

El sobrenadante (entre 400-500µl) fue transferido a los tubos de 2 ml Collection Tube.

Se agregaron 250 µl de la solución C2 y agoraron por 5 segundos.

Se incubaron a 4°C por 5 minutos.

Los tubos fueron centrifugados a temperatura ambiente a 10,000xg por 1 minuto.

Se transfirieron 600 µl del sobrenadante a los tubos de 2 ml Collection Tube tratando de no llevar restos del pellet.

Se adicionaron 200 µl de la solución C3 y agitaron brevemente e Incubaron a 4°C por 5 minutos.

Se centrifugaron los tubos a temperatura ambiente a 10,000 rpm.

Se recuperaron (600-750 µl) del sobrenadante a los tubos de 2 ml Collection Tube tratando de no llevar restos del pellet.

Se agitaron ligeramente la solución C4 antes de usar.

Se agregaron (960-1200 µl) de la solución C4 al sobrenadante y agitaron por 5 segundos.

La mezcla se filtró dentro de los SPIN FILTER, cargando no más de 700 µl de la mezcla, fufe centrifugada a temperatura ambiente y 10,000 rpm, por 1 minuto y se eliminó el filtrado el filtrado. Se realizó el mismo proceso 2 veces hasta filtrar toda la mezcla.

Se adicionaron 500 µl de la solución C5 al SPIN FILTER y centrifugar los tubos a temperatura ambiente a 10,000 rpm, por 30 segundos. Descartar el filtrado.

Se centrifugaron nuevamente los tubos a temperatura ambiente a 10,000 rpm por 1 minuto. Se descartó el filtrado.

Se transfirió el SPIN FILTER a un nuevo Collection Tube de 2ml y se agregaron 100 µl de la solución C6.

Se centrifugaron los tubos a temperatura ambiente a 10,000 rpm por 30 segundos. Y se descartó el SPIN FILTER y almacenó el DNA a - 20°C.

Comprobación de ADN por la técnica de PCR

Para la ejecución de esta técnica simple se usó cada una de las muestras en concentración original y diluyeron al 1/5 con agua ultra pura y para lo cual se utilizó el protocolo establecido en el Kit Taq DNA Polymerase Recombinante 5 U/µL –Thermo Scientific. El gen amplificado fue el 16S rRNA (Bacterias) con un aproximado de 1500 pares de bases. Se preparó un mix en común en un tubo de 1,5 ml, en los cuales, al número de reacciones se multiplicó por las cantidades iniciales de los 7 primeros reactivos y luego se distribuyeron los 23 µL a los micro tubos de 0.2 ml. El número de reacciones se considera la suma de las muestras (ADN) + C.E (Control de Extracción) + C-PCR (Control Negativo de PCR) + Control Positivo. La técnica se ejecutó en bloque de hielo a través de un protocolo especial, En especies de bacterias se trabajó hasta Unidades Operacionales Taxonómicas

Electroforesis

Nos permite comprobar la eficacia y calidad del ADN extraído, para lo cual se comprobó en un gel agarosa al 1,5 %, utilizando como diluyente TAE

1X (40mM Tris, 20Mm Ácido Acético Glacial, 1mM EDTA), y bromuro de etilo 0.5 µg/ml. La migración de las bandas de ADN, se registra en la parte superior por acción electroforética presentando una coloración violeta.

La ejecución de la técnica se realizó adicionando la agarosa en el molde correspondiente cuando se encontró entre 40 – 50°C, se adicionó bromuro de etilo y se homogeneizó. Se mezcla 2 µL del tampón de depósito DNA Gel Loading Dye (6X) - Thermo Scientific, con 10 µL del producto amplificador y se depositó en los pocillos del gel que estaba sumergido con TAE 1X dentro de la cubeta electroforética. Se programa el termociclador a 90 voltios por 30 minutos en la fuente de poder. El marcador de peso molecular usado es Gene Ruler 1 kb DNA Ladder-Thermo Scientific.

Para determinar los índices de Biodiversidad Alfa y Beta se utilizó el Software Species Diversity & Richness V 1.4.2 de Pisces Conservation Ltda de Inglaterra.

RESULTADOS

Tabla 1. Número de especímenes por especie de bacterias en el ecosistema de mangle rojo, Cantón el Guabo Ecuador.

# OTUS	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7	M8	M9	M10	M11	M12	M13	M14	M15	M16	M17	M18	M19	M20	M21	
Identificados																						
Unclassified	81047	54136	31254	90246	72488	19180	18627	17730	5833	12435	21300	17094	35408	72877	27335	18350	19690	41464	21954	5406	12669	
Uncultured bacterium	3654	7446	6460	806	793	2114	2642	17025	7921	16944	12494	28704	25546	3690	13595	11419	12122	21180	21954	6876	6910	
Uncultured organism	1	48	128	o	o	139	113	2193	808	1367	230	2494	618	148	819	272	1091	1158	21954	661	160	
Uncultured planctomycete	o	5	6	o	o	9	11	647	76	162	133	246	722	8	1882	786	263	1199	21954	35	881	
Uncultured delta proteob.	o	174	646	o	o	272	354	464	766	3558	239	3456	500	26	87	13	45	o	21954	833	o	
Uncultured marine bacterium	o	3	3	o	o	2	6	250	3	15	235	5	476	143	o	o	12	o	21954	3	o	
Tetraselmis subcordiforris	o	o	o	o	o	o	o	222	2	1	219	3	472	5	o	o	o	o	21954	o	o	
Uncultured Bacteroidetes	o	35	101	o	o	100	121	158	225	719	78	698	308	42	o	o	25	o	21954	334	o	
Hydrothermal vent metag.	o	12	43	o	o	18	33	146	2	24	35	18	285	35	o	o	o	o	21954	3	o	
Uncultured O.V enweeksia sp.	o	o	o	o	o	o	1	130	14	17	17	5	79	5	o	o	o	o	21954	o	o	
Actinobacterium	o	1	3	o	o	o	1	124	o	4	63	1	151	14	1	o	29	22	21954	o	2	
Uncultured gamma proteob.	o	169	548	o	o	226	297	122	406	1151	303	2055	245	51	112	183	138	o	21954	770	o	
Uncultured Saprospiraceae	o	o	o	o	o	o	o	120	o	o	26	o	57	2	o	o	o	o	21954	o	o	
Uncultured cyanobacterium	o	o	o	o	o	6	3	112	20	88	23	38	102	22	14	o	14	o	21954	17	o	
Uncultured compost bacterium	o	o	o	o	o	o	1	39	o	3	o	o	9	o	715	59	21	200	21954	6	213	
Flavot bacteriaeae	o	1	7	o	o	4	4	36	3	4	12	15	217	15	3	o	33	o	21954	26	o	
Uncultured Chloroflexi	o	8	23	o	o	103	122	32	52	155	90	1000	215	22	o	o	o	o	21954	21	o	
Uncultured Peredibacter sp.	o	1	2	o	o	o	1	32	2	11	2	5	o	1	o	o	o	o	21954	2	o	
Uncultured Rickettsia sp.	o	1	o	o	o	1	1	32	1	5	831	14	101	60	o	o	67	o	21954	2	o	
Marine metagenome	o	o	o	o	o	o	o	28	o	7	34	1	90	12	5	o	o	o	21954	o	o	
Chaetoceros affinis	o	1	o	o	o	o	o	21	o	16	274	37	710	114	o	o	o	o	21954	10	o	
Uncultured alpha proteob.	o	1	3	o	o	21	44	17	104	162	9	207	26	2	20	o	o	36	21954	38	o	
SAR11 cluster alpha proteob.	o	1	1	o	o	1	o	10	o	2	39	o	79	22	o	o	o	o	21954	o	o	
Verruocricrobia bacterium	o	7	18	o	o	12	17	5	10	25	30	67	12	19	o	o	o	o	21954	4	o	
Marinomonas vaga	o	o	o	o	o	o	o	2	o	o	2	o	296	o	o	o	o	o	21954	o	o	
Brumirricrobium sp.	o	o	o	o	o	o	o	2	o	1	125	1	245	7	o	o	o	o	21954	o	o	
Uncultured crenarchaeote	o	o	o	o	o	3	4	2	91	60	o	98	o	o	o	o	o	o	21954	43	o	
Uncultured eukaryote	o	1	2	o	o	10	11	2	1	22	27	30	118	13	o	o	48	o	21954	37	o	
Lactobacillus hligardii	6975	1526	563	2567	3274	36	22	1	o	1	1	1	3	981	o	o	o	o	21954	o	o	
Other	2764	9045	3987	195	99	1392	1861	6	1176	1744	1301	3071	1914	155	390	813	514	48	21954	726	43	

Fuente. Elaboración propia.

Tabla 2

Índice de biodiversidad alfa de la microbiota del ecosistema mangle rojo, Cantón el Guabo Ecuador.

Muestra	Índice de Shannon - Wiener	Estadístico Q	Índice de Equidad de Pielou
M1	0,553	2,161	0,1626
M2	0,8359	2,242	0,2458
M3	0,965	1,91	0,2837
M4	0,1895	0,4239	0,0557
M5	0,2434	0,4429	0,0716
M6	0,7633	2,756	0,2244
M7	0,8821	3,239	0,2594
M8	1,244	5,435	0,3657
M9	1,452	1,936	0,4269
M10	1,506	2,818	0,4429
M11	1,227	6,42	0,3608
M12	1,483	2,454	0,4361
M13	1,277	8,164	0,3754
M14	0,3514	5,27	0,1033
M15	1,012	1,475	0,2975
M16	0,9557	0,9677	0,2810
M17	0,9768	2,646	0,2872
M18	0,8284	0,6569	0,2436
M19	3,367	0	0,9900
M20	1,486	2,127	0,4369
M21	0,9004	0,7875	0,2647

Fuente. Elaboración propia.

Tabla 3

Índices de biodiversidad Beta de microbiota del ecosistema mangle rojo, Cantón el Guabo Ecuador.

Índice	Valor
Whittaker Bw	0,6364
Routledge Bi	0,2884
Routledge Be	1,334
Wilson & Schmida	1,309
Harrison I	3,182

Fuente. Elaboración propia.

DISCUSIÓN

Las especies identificadas en el ecosistema de mangle de Ecuador difieren de lo reportado por Peralta (2014) quien en el santuario Nacional Los Manglares de Tumbes, obtuvo muestras por raspado del sistema radicular de *Rhizophora mangle* en medios de cultivo TCBS, TSA,

Cetrimide, Mac Conkey y EndoLES, Las muestras fueron purificadas y aisladas, luego se seleccionó UFC y extrajo el ADN utilizando la PCR secuenciación mediante el programa MEGA. identificó especies bacterianas: *B. pumilus*, *B. megaterium*, *Bacillus sp.*, *B. aryabhatai*, *B. cereus*, *B. thuringiensis*, *Exiguobacterium sp* y *Staphylococcus sp.*

Difieren también de lo reportado por Figueroa (2017) quien refiere distribución de Unidades taxonómicas Operativas (OTUs), mediante la predicción PICRUST identificó diferencias significativas en los genes betA, betB, otsA, otsB, otsA otsB y proB relacionados a tolerancia al estrés por salinidad, presentó una visión de la diversidad microbiana en un manglar de La Guajira, Colombia, variables ambientales que la afectan y la predicción de funciones metabólicas que se desarrollaron.

La técnica empleada fue compatible con lo referido por Bernal (2019) que reportó para las bacterias del ecosistema del caribe colombiano. 49 aislamientos bacterianos. 9 de los cuales presentaron actividad biológica contra la cepa *Mycobacterium bovis* BCG (similitud de 99% con la secuencia genómica de *M. tuberculosis* y de lo reportado por Saavedra (2016) que en la hemolinfa de langostino blanco determinó la diversidad bacteriana con predominaron los géneros *Bacillus* y *Vibrio*.

En la Tabla 2 se representa los valores correspondientes a Shannon-Wiener. éste varió desde 0,1895 en M4 hasta 3,367 en M19; por lo tanto es diferente en cada muestra, Comunidades existentes en la zona del río Chaguana del Cantón el Guabo en mayor cantidad fueron *Lactobacillus hligardii* seguido de *Deltaproteobacterias*, *gammabacterias*, *Chloroflexi*, entre otras. Especies en menor cantidad *Marinomomas vaga*, *Peredibacter sp.* entre otras. La bibliografía refiere que valores de 0 indican presencia de una sola especie y el logaritmo de S cuando todas las especies están representados por el mismo número de individuos; sin embargo, como un índice de equidad permite determinar la riqueza específica y abundancia relativa. Los valores en el rango desde 0 hasta 1,35 indica una diversidad baja; desde 1,36 hasta 3,5 implica diversidad media y mayor a 3,5 indica una biodiversidad alta. (Montesinos, 2011).

El estadístico Q varió desde 0 en M19 hasta 8,164 en M13; este índice es el más robusto para medir biodiversidad Alfa; al respecto De la Cruz, et al., (2020) indican que este método se basa en la distribución de la abundancia de las especies, pero en realidad no implica que los datos se ajusten a un modelo; por lo tanto, el estadístico Q es una medida de la pendiente de la curva de abundancia acumulativa de las especies entre el primer y el último fragmento, por lo que provee un índice de la diversidad de la zona sin considerar ni las especies muy abundantes ni las muy raras.

El índice de equidad de Pielou varió desde 0,0557 en M5 hasta 0,9900 en la muestra M19. Al respecto, se indica que valores que los valores de este índice varían desde 0 hasta 1 siendo cercanos a 1 los que corresponden a situaciones donde todas las especies son igualmente abundantes. Los valores del índice de equidad de Pielou está en rango de diversidad media y alta lo que es compatible con los criterios de Aguirre (2013), Marín. (2011) quienes reportaron indica que valores de 0 - hasta 0,33 son rangos diversidad baja; en el rango desde 0,34 hasta 0,66 corresponde a diversidad media y valores superiores a 0,67 corresponden a biodiversidad alta.

La biodiversidad Beta para bacterias obtenidas de ecosistema de mangle rojo en la cuenca baja del río Chaguana del Cantón el Guabo (Índice de Routledge 1,334) implica variación o cambio significativo entre la composición de especies de diferentes comunidades en un ecosistema y los valores reportados indican variación de la biodiversidad que reflejan el diverso uso del suelo (Heterogeneidad) como hábitat que hay que conservarlo (Ministerio del Ambiente, 2019).

CONCLUSIONES

Los índices de Shannon–Wiener, Índice de equidad de Pielou, estadístico Q y los índices de Biodiversidad beta alcanzaron valores que permiten considerar a esta zona como de alta diversidad bacteriana.

El índice de Shannon-Wiener vario desde 0,1895 en M4 hasta 3,367 en M19 con un valor promedio de 1,084. El estadístico Q varió desde 0

hasta 8,164. El índice de equidad de Pielou varió desde 0,0557 en M4 hasta 0,99 en M19.

Los índices de Biodiversidad Beta para bacterias de ecosistema de mangle rojo en Rio Chaguana, Cantón el Guabo, fueron: Índice de Whittaker Bw 0,6364; Índice de Routledge Bi= 0,2884; Routledge Be= 1,334; Índice de Wilson & Schmida = 1,309 e Índice de Harrison I = 3,182.

REFERENCIAS

- Aguirre, Z. (2013). *Guia de Metodos para medir la Biodiversidad* Universidad Nacional de Loja. <https://zhofreaguirre.files.wordpress.com/2012/03/guia-para-medicic3b3n-de-la-biodiversidad-octubre-7-2011.pdf>
- Batlle, M. (2021). Los 17 destinos, calificados como megadiversos, atesoran el 70% de las especies reconocidas del planeta. p. 1, 15. https://viajes.nationalgeographic.com.es/a/paises-mas-biodiversidad-mundo_15317/17.
- Bernal, A. (2019). Estudio de la biodiversidad bacteriana de ecosistemas del departamento del Atlántico como fuente de posibles compuestos antituberculosis y antibacterianos Universidad del Norte Decanatura de Ciencias Básicas, Departamento de Química y Biología Barranquilla, Colombia, <https://manglar.uninorte.edu.co/bitstream/handle/10584/8705/1042434722.pdf.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Campo, A. M., & Duval, V. S. (2014). Diversidad y valor de importancia para la conservación de la vegetación natural. Parque Nacional Lihué Calel (Argentina). *Anales de Geografía de la Universidad Complutense*, 34(2), 25-42. https://doi.org/10.5209/rev_AGUC.2014.v34.n2.47071
- Cluster Camarón. (2018). Top 10 de las empresas camaroneras más grandes de Ecuador. Clúster Camarón JM. <https://camaron.ebizar.com/>
- Cortés, N., Ordóñez, P. y Domínguez, J. (2020). Herramientas moleculares utilizadas para el análisis metagenómico. Revisión. <http://www.scielo.org.mx/pdf/rmcp/v11n4/2448-6698-rmcp-11-04-1150.pdf>

- De la Cruz-Arango, J., Gómez-Carrión, J., Chanco-Estela, Magda, Carrillo-Fuentes, E. P., & Aucasime-Medina, L. (2020). Flora y vegetación de la provincia de Huamanga (Ayacucho-Perú). Editado por: Selva Andina Research Society. *J Selva Andina Biosph*, 8(1), 1-18. <http://dspace.unitru.edu.pe/handle/UNITRU/11983>
- Dorado, A. (2010). *¿Qué es la biodiversidad? Una publicación para entender su importancia, su valor y los beneficios que nos aporta*. Madrid: Fundación Biodiversidad. https://www.fuhem.es/media/cdv/file/biblioteca/Dossier/Dossier_El_papel_de_la_biodiversidad.pdf
- Figueroa (2017). Caracterización de la diversidad y predicción del potencial genético funcional de las comunidades microbianas asociadas a la rizósfera del mangle negro (*Avicennia germinans*) en un gradiente de salinidad de La Guajira. Universidad Nacional de Colombia Facultad de Ciencias, Instituto de Biotecnología Bogotá D.C., Colombia. <https://repositorio.unal.edu.co/bitstream/handle/unal/59560/IngridP.FigueroaGalvis.2017.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Guillén, D. (2019). *Diversidad florística, comunidades vegetales y propuestas de conservación del monte ribereño en el río Chili (Arequipa, Perú)*. *Arnaldoa*, 26 (1), p. 97-130. <http://www.scielo.org.pe/pdf/arnal/v26n1/a06v26n1.pdf>
- Intriago, J., Angulo, J., Mujica, G. y Risco, J. (2018). *Metagenómica de la microbiota de juveniles del *Litopenaeus vannamei* inoculados con bacterias probióticas y patógenas* *AquaTIC*, 51, pp. 16-29. <https://www.redalyc.org/journal/494/49460615001/>
- Marín, G. (2011). *Biodiversidad*. Universidad de Caldas - Unión Europea: Espacio Gráfico Comunicaciones S.A. <https://www.uaeh.edu.mx/investigacion/productos/4770/biodiversidad.pdf>
- Merchán, M., Torres, M., Díaz, A. 2017 *Técnicas de Biología Molecular en el desarrollo de la investigación. Revisión de la literatura* *Revista habanera de ciencias médicas*. 16 (5). p. 796. <http://www.revhabanera.sld.cu/index.php/rhab/article/view/1651>
- Ministerio del Ambiente. (2019). *Sexto informe sobre diversidad biológica*. Lima-Perú. p.8. <https://www.gob.pe/institucion/minam/informes-publicaciones/281709-sexto-informe-nacional-sobre-diversidad-biologica>
- MO BIO Laboratories Inc. (2022) PowerSoil® DNA Isolation Kit. . *SelectScience* 23. p.1. <https://www.selectscience.net/suppliers/mo-bio-laboratories-inc?compID=425>
- Montesinos, D. B. (2011). Diversidad florística de la cuenca alta del río Tambo-Ichuña (Moquegua, Perú). *Revista Peruana de Biología*, 18(1), 119-132. <http://ingenieria.ute.edu.ec/enfoqueute/index.php/revista/article/view/86%0Ahttp://ingenieria.ute.edu.ec/enfoqueute/index.php/revista/article/download/86/91>
- Oberhuber, T., Lomas, P. L., Duch, G., & González, M. (2010). *El papel de la biodiversidad*. Madrid: Centro de Investigación para la Paz. https://www.fuhem.es/media/cdv/file/biblioteca/Dossier/Dossier_El_papel_de_la_biodiversidad.pdf
- Peralta, T. (2014). Identificación de especies bacterianas en el sistema radicular de *Rhizophora mangle*, en el Santuario Nacional Los Manglares de Tumbes, 2011- 2012. *Manglar* 11 (1). p. <https://erp.untumbes.edu.pe/revistas/index.php/manglar/article/view/18>
- Pulido, A. (2016). *La Biodiversidad y sus Beneficios*. Obtenido de Wikia Ecología Ambiente y Sustentabilidad UCAB. https://easucabdm.wikia.org/es/wiki/La_Biodiversidad_y_sus_Beneficios
- Saavedra, K. (2016). Caracterización molecular de la microbiota bacteriana en la hemolinfa de langostinos (*Litopenaeus vannamei*) sanos y enfermos en base a técnicas de aislamiento, co-cultivo y metagenómica Tumbes, Perú. Tesis de Magister en Ciencias con Mención en Biotecnología Molecular. Universidad Nacional de Tumbes Escuela de Posgrado https://repositorio.concytec.gob.pe/bitstream/20.500.12390/212/3/2016_Saavedra_Caracterizacion-molecular-microbiota.pdf