

DIVISIÓN DE CIENCIAS BIOLÓGICAS Y DE LA SALUD
DEPARTAMENTO DEL HOMBRE Y SU AMBIENTE
LICENCIATURA EN BIOLOGÍA

**Caracterización de las comunidades microbianas de los canales de
Xochimilco por secuenciación masiva del gen 16S rDNA y 18S rDNA**

INFORME FINAL DE SERVICIO SOCIAL POR INVESTIGACION

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE
BIÓLOGO

PRESENTA

Iván Trejo Zamora

2212041795

ASESOR INTERNO

Dr. Hugo César Ramírez Saad
No. Eco. 8642

ASESOR EXTERNO

Dr. Jesús Israel Morales Jiménez
Ced. 7561301

Ciudad de México, enero de 2025

“The more clearly we can focus our attention on the wonders and realities of the universe about us, the less taste we shall have for destruction.”

“Cuanto más claramente podemos centrar nuestra atención en las maravillas y realidades del universo que nos rodea, menos gusto tendremos por la destrucción.”

Rachel Carson

“Research is formalized curiosity. It is poking and prying with a purpose.”

“La investigación es curiosidad formalizada. Es hurgar y curiosear con un propósito”

Zora Neale Hurston

*A mi madre y a mis hermanas,
por su apoyo incondicional y la confianza
que siempre han depositado en mí.*

*A mi padre,
que está presente en todo lo que hago,
acompañándome y celebrándolo desde el cielo.*

Agradecimientos

Son muchas las personas que forman parte de los pilares que sostienen este logro. Agradezco a todas aquellas que, con su acompañamiento, palabras y conocimientos, hicieron posible la finalización de este trabajo.

Agradezco principalmente a mi familia: a mis padres, Rosa y Enrique, que me brindaron las bases de lo que soy ahora; y a mis hermanas, Nancy y Sarahi, quienes siempre me han motivado y apoyado en lo que hago.

A las maravillosas personas que conocí en la licenciatura: a Alejandra, por estar a mi lado; y a mis amigos, Alexis, Evelyn y Emily, que sin duda me brindaron los momentos más divertidos en la carrera.

A los integrantes del Laboratorio de Biología Molecular de Bacterias y Levaduras del IPN-ENCB, principalmente al Dr. César Hugo Hernández Rodríguez y a la Dra. Lourdes Villa Tanaca, quienes brindaron el espacio para realizar parte de este trabajo; así como al Dr. Hugo César Ramírez Saad y a la Dra. María Eugenia de la Torre Hernández, del Laboratorio de Ecología Molecular de la UAM Xochimilco, que nos recibieron de la mejor manera en su laboratorio.

A mi principal asesor, el Dr. Jesús Israel Morales Jiménez, quien no solo compartió generosamente su conocimiento y experiencia, sino que fue también un guía constante, un compañero y un amigo. Su acompañamiento me reafirmó que en la ciencia caminamos a hombros de gigantes, dentro del trascendental vínculo profesor–alumno. Mi más sincero agradecimiento por su confianza, paciencia y apoyo.

Finalmente, agradezco a la Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Xochimilco, por convertirse en mi segunda casa y brindarme una de las mejores etapas de mi vida. Por sus espacios de convivencia, por las amistades forjadas y por los profesores que contribuyeron de manera decisiva a mi formación académica y personal.

Resumen

Las comunidades de fitoplancton y bacterioplancton desempeñan un papel fundamental en los ecosistemas de agua dulce, al constituir la base de la cadena trófica y por su participación en los ciclos biogeoquímicos. No obstante, ambas comunidades son altamente sensibles a las variaciones ambientales y a la contaminación, por lo que su estructura está estrechamente vinculada a las condiciones físicoquímicas del entorno. El sistema lacustre de Ejidos de Xochimilco y San Gregorio Atlapulco, designado como humedal Ramsar desde 2003, enfrenta múltiples presiones antropogénicas, entre las que destacan el uso de agroquímicos, las descargas clandestinas, el turismo y el abastecimiento artificial de agua, lo que genera una heterogeneidad ambiental a lo largo de sus canales. Los estudios previos sobre la diversidad planctónica en esta zona se han basado principalmente en métodos tradicionales, lo que limita una caracterización detallada de las comunidades microbianas. Por ello, con el fin de analizar la estructura de las comunidades de fitoplancton y bacterioplancton y su relación con las variables ambientales, se recolectaron muestras de agua en 12 sitios, tanto en la zona fótica como afótica, las cuales fueron analizadas mediante secuenciación masiva de los genes 16S y 18S rDNA. El análisis del marcador 16S permitió identificar 25 filos, 120 familias y 143 géneros, mientras que el marcador 18S reveló la presencia de 4 filos de fitoplancton, 35 familias y 23 géneros. Los filos Ochrophyta y Pseudomonadota fueron dominantes en las comunidades de fitoplancton y bacterioplancton, respectivamente. Se registraron 15 géneros no reportados previamente para la zona, 8 géneros asociados a florecimientos algales nocivos (FAN) y 9 géneros bacterianos relacionados con procesos clave de los ciclos biogeoquímicos. Las variables que ejercieron mayor influencia sobre la estructura microbiana fueron el pH y la concentración de nutrientes. Se observó que la organización de las comunidades depende principalmente de factores ambientales horizontales, más que de la estratificación vertical de la columna de agua, la cual es prácticamente inexistente debido a la escasa profundidad del sistema y a la mezcla constante inducida por la actividad turística. La detección de géneros asociados a procesos biogeoquímicos y a FAN, el elevado número de ASVs sin asignación taxonómica y las diferencias observadas respecto a estudios basados en metodologías tradicionales, subrayan la necesidad de un monitoreo continuo que combine herramientas moleculares y de microscopía, con el fin de evaluar el estado ecológico del sistema y orientar estrategias de conservación.

Palabras clave: Fitoplancton, bacterioplancton, secuenciación masiva, humedal de agua dulce, Xochimilco.

Índice

1.	Introducción.....	1
2.	Planteamiento del problema	2
3.	Objetivos.....	2
4.	Antecedentes.....	3
5.	Material y métodos.....	4
5.1.	Trabajo de campo.....	4
5.2.	Obtención de biomasa.....	5
5.3.	Extracción de DNA.....	6
5.4.	Parámetros de reacción de PCR y ciclado térmico	6
5.5.	Visualización y purificación de productos de PCR.....	6
5.6.	Secuenciación y análisis bioinformático.....	6
5.7.	Análisis estadístico	7
6.	Resultados.....	7
6.1.	Parámetros fisicoquímicos	7
6.2.	Diversidad identificada mediante el análisis metagenómico del gen 16S rDNA	13
6.3.	Influencia de los parámetros fisicoquímicos sobre la comunidad del bacterioplancton ..	22
6.4.	Diversidad identificada mediante el análisis metagenómico del gen 18S rDNA	24
6.5.	Influencia de los parámetros fisicoquímicos sobre la comunidad del fitoplancton	32
7.	Discusión	35
7.1.	Parámetros fisicoquímicos	35
7.2.	Principales géneros del bacterioplancton.....	36
7.3.	Géneros asociados a ciclos biogeoquímicos	37
7.4.	Cianobacterias.....	37
7.5.	Diversidad fitoplanctónica.....	38
7.6.	Géneros fitoplanctónicos asociados a florecimientos algales nocivos.....	39
7.7.	Influencia de las variables en la estructura de las comunidades fitoplanctónicas y bacterioplanctónicas.....	39
8.	Conclusión.....	40
9.	Referencias	42
10.	Anexos	48

1. Introducción

El sistema lacustre Ejidos de Xochimilco y San Gregorio Atlapulco está ubicado entre las coordenadas 19° 00' y 19° 20' latitud Norte; 99° 00' y 99° 16' longitud Oeste, al sur de la Ciudad de México (Almanza Encarnación, 2023). Es un sitio de importancia internacional, designado desde el 1 de noviembre del 2003 como humedal Ramsar (INEGI, 2020). Este humedal se compone de algunos cuerpos de agua temporales y permanentes conectados por canales, entre los más importantes se encuentra el canal de Cuemanco, Chalco, del Bordo, el Nacional, Apatlaco, Apampilco, Texhuilo, Japón y San Sebastián, que interconectan a las principales lagunas: Tlilac, del Toro, Apampilco, Texhuilo y Huetzalin (INEGI, 2020; Almanza Encarnación, 2023). El sistema es abastecido por aguas provenientes de plantas de tratamiento y se tiene registro de contaminación por productos agroquímicos, turismo y descargas clandestinas de aguas residuales provenientes de los asentamientos humanos cercanos al lugar (Almanza Encarnación, 2022; INEGI, 2020).

Las comunidades de fitoplancton son los principales productores primarios y la base de las cadenas tróficas acuáticas en ecosistemas de agua dulce (Lv, 2024). Diversas condiciones ambientales, como el pH, concentración de nutrientes, temperatura, salinidad, condiciones de luz y actividades antrópicas, influyen sobre la estructura de las comunidades de fitoplancton (Jia et al., 2020). Es decir, su composición y distribución estructural responden de manera directa o indirecta a las características del ecosistema (Li, 2025). Asimismo, el bacterioplancton es fundamental en la cadena trófica acuática, ya que impulsa el flujo de energía y participa en los ciclos de carbono orgánico disuelto y otros nutrientes y, al igual que las comunidades de fitoplancton, su distribución espacio temporal varía respecto a factores bióticos y abióticos (Rastogi et al., 2019). El plancton se puede utilizar como un indicador para la comprensión de procesos ecológicos, como el estado trófico del agua, la fotosíntesis, la productividad, el ciclo del carbono, entre otros (Hernández, 2020; Li, 2025).

Los métodos basados en las características morfológicas para la identificación de microalgas están limitados a organismos cuya morfología este bien documentada, además, requieren mucho tiempo, mucha mano de obra, son propensos a identificaciones erróneas, y son imprecisos para diferenciar especies crípticas (Sun et al., 2025; Wang et al., 2022). Mientras que, la secuenciación masiva de un marcador genético específico es una técnica poderosa y se utiliza en la actualidad para el análisis de la diversidad biológica en ambientes variados (Lopes Dos Santos et al., 2022). Esta técnica permite la identificación de varias especies a partir de una muestra mixta, puede estimar de manera exacta y precisa la comunidad del plancton, además de identificar una mayor diversidad de plancton en comparación a los métodos tradicionales (Xiong et al., 2024).

Dada la importancia del plancton, su susceptibilidad a las condiciones ambientales y la variabilidad de condiciones en los canales de Xochimilco, influenciada por las distintas fuentes de agua y contaminación, esta investigación busca conocer la

estructura de las comunidades planctónicas y su relación con las condiciones fisicoquímicas de cada zona de muestreo por medio de la secuenciación masiva.

2. Planteamiento del problema

El sistema lacustre de Xochimilco y San Gregorio Atlapulco se enfrenta a una serie de amenazas que comprometen su salud y funcionalidad. A pesar de su valor ecológico y económico, este sistema sufre graves impactos derivados de la contaminación por agroquímicos, descargas de aguas residuales y abastecimiento artificial de agua proveniente de plantas de tratamiento. Estos factores alteran las condiciones naturales del ecosistema, afectando tanto la calidad del agua como la biodiversidad de los cuerpos acuáticos que lo componen. Entre los elementos más relevantes de estos ecosistemas se encuentran las comunidades del plancton, organismos microscópicos que juegan un papel fundamental en las cadenas tróficas acuáticas. Su sensibilidad a los cambios en el ambiente hace que las comunidades de fitoplancton reflejen, de manera precisa, el estado de salud del sistema lacustre.

Las investigaciones previas sobre la diversidad de plancton en Xochimilco se basan en métodos tradicionales de identificación, que a pesar de ser útiles, tienen limitaciones para ofrecer una visión integral de la diversidad de estas comunidades. Los métodos tradicionales se centran en características morfológicas, lo que restringe la capacidad de detectar y diferenciar especies con precisión. Ante esto, la secuenciación masiva de marcadores genéticos nos permite una identificación más detallada y eficiente de las especies presentes en una comunidad.

Este estudio busca generar conocimiento sobre la estructura de las comunidades de plancton en los principales canales y lagunas del sistema lacustre de Xochimilco y su relación con las condiciones ambientales de cada sitio de muestreo. Lo cual permitirá profundizar en la comprensión de los procesos ecológicos que influyen en este ecosistema y contribuir en la creación de estrategias para manejo y conservación más efectivas, promoviendo la sostenibilidad y la preservación del sistema lacustre de Xochimilco a largo plazo.

3. Objetivos

General:

- Conocer la estructura de las comunidades fitoplanctónicas y bacterioplanctónicas de diferentes sitios en los canales de Xochimilco

Particulares:

- Analizar la composición y estructura de las comunidades de fitoplancton y bacterioplancton de los canales de Xochimilco
- Relacionar las características de las comunidades estudiadas con las condiciones ambientales de los canales de Xochimilco

4. Antecedentes

En el estudio realizado por Jia et al. (2020), donde se utilizaron tres modelos para identificar los principales impulsores de la estructura y la producción de fitoplancton en sistemas de ríos y lagos, se mostró como la luz, el pH y las proporciones de nutrientes son los factores más relevantes en las características del fitoplancton, siendo la luz el principal impulsor de estas características. Además, se destacó que el control de las condiciones de luz subacuática, junto con la regulación de la contaminación por nitrógeno y fósforo, puede contribuir a la mitigación de floraciones algales, aumentar la productividad, promover el equilibrio ecológico y reducir la contaminación del agua.

Brown et al. (2022) realizaron un estudio en el Gran Lago Salado, un ecosistema hipersalino, para evaluar el fitoplancton en su bahía Gilbert, combinando microscopía tradicional con secuenciación masiva de DNA. Compararon ambos métodos para evaluar la composición y abundancia relativa de la estructura del fitoplancton, además de analizar patrones espaciales y temporales mediante escalas multidimensionales no métricas. Los resultados revelaron diferencias significativas entre los métodos; la secuenciación masiva mostró diferencias significativas en las asignaciones taxonómicas y las abundancias relativas con la microscopía, presentando una baja correlación en la mayoría de las categorías. Además, también sobrerrepresentó a las diatomeas y subrepresentó a las clorófitas comparado con la microscopía. Sin embargo, la secuenciación masiva permitió detectar patrones espaciales y estacionales, identificar especies de baja abundancia y revelar una posible especiación críptica dentro de *Dunaliella viridis*, la especie dominante en el lago. También, el análisis filogenético demostró una mayor diversidad de fitoplancton de la previamente registrada, aunque se destacó la necesidad de mejorar la asignación taxonómica de las secuencias, especialmente en las diatomeas.

En el estudio de Du et al. (2023) se evaluó de manera integral las respuestas de las comunidades bacterianas y algales a la recarga de agua regenerada en el río urbano Chaobai, empleando tecnología de secuenciación de alto rendimiento. Los resultados indicaron que, tras la incorporación de agua regenerada, las concentraciones de NO_2^- , NH_4^+ y fósforo total disminuyeron en la sección aguas abajo. Las comunidades bacterianas y algales presentaron una menor complejidad en sus redes de interacción en la zona aguas abajo. El estudio evidenció que el nitrógeno y el fósforo fueron factores determinantes en la estructuración de ambas comunidades; no obstante, la selección ambiental ejerció una mayor influencia sobre la comunidad algal en comparación con la bacteriana.

Tanttu et al. (2023) evaluaron el uso de la secuenciación masiva de DNA y el análisis de pigmentos fotosintéticos como alternativas rápidas y económicas a la identificación microscópica de fitoplancton en 15 lagos de cráteres tropicales en Uganda. Identificaron 105 unidades taxonómicas operativas (OTU) de cianobacterias y 197 de eucariotas autótrofos, observando diferencias en la composición de comunidades fitoplanctónicas según el estado trófico, la conductividad y las estaciones. Aunque la secuenciación masiva mostró patrones

similares al recuento de células en algunos grupos, se observó las categorías tróficas de los lagos de manera correcta. Por su parte, el análisis de pigmentos agrupó los lagos según su nivel trófico solo cuando se utilizaron concentraciones absolutas. Concluyeron que ambos métodos mostraron potencial para el monitoreo de ecosistemas, aunque presentan limitaciones relacionadas con sesgos de amplificación genética y baja resolución taxonómica.

Ma et al. (2025) analizaron las respuestas de los taxones bacterianos raros y abundantes frente a los cambios ambientales en áreas costeras densamente urbanizadas del estuario del río Pearl, China. Su estudio evaluó las divergencias taxonómicas y filogenéticas, los procesos de ensamblaje comunitario y las redes de coocurrencia en relación con el nitrógeno nitrito (N-NO_2^-) y otros parámetros ambientales. Los resultados mostraron que factores como la temperatura, el oxígeno disuelto, la salinidad y el NO_2^- fueron determinantes en la estructuración de las comunidades bacterianas.

Según Sun et al. (2025), las floraciones de algas nocivas representan un desafío ambiental y ecológico crítico a nivel global, por lo que se necesita un monitoreo eficiente y preciso para identificar los géneros predominantes que forman dichas floraciones. Sun et al. (2025) abordaron las limitaciones de los métodos tradicionales basados en microscopía mediante el desarrollo de cebadores específicos para el género *Aphanizomenon* y comprobaron su aplicación en el monitoreo mediante la secuenciación masiva de DNA ambiental. Este método se probó en 37 sitios de ecosistemas de agua dulce lénticos y lóticos en Beijing, demostrando un alto desempeño en la sensibilidad y especificidad. Estos nuevos cebadores permitieron una recuperación integral de la biodiversidad en comunidades de *Aphanizomenon*, alcanzando más del 95% de secuencias específicas en los conjuntos de datos. De igual manera, se identificaron variables ambientales clave responsables de la distribución espaciotemporal de *Aphanizomenon*, entre las que destacan la temperatura, el nitrógeno total y el oxígeno disuelto en ecosistemas lénticos, y el fósforo total en ecosistemas lóticos.

5. Material y métodos

5.1. Trabajo de campo

Se muestrearon 12 sitios en los canales y lagunas principales de la zona lacustre de Xochimilco el día 16 de mayo de 2025. Estos sitios fueron seleccionados para representar la variedad de condiciones y características dentro del ecosistema (Figura 1).

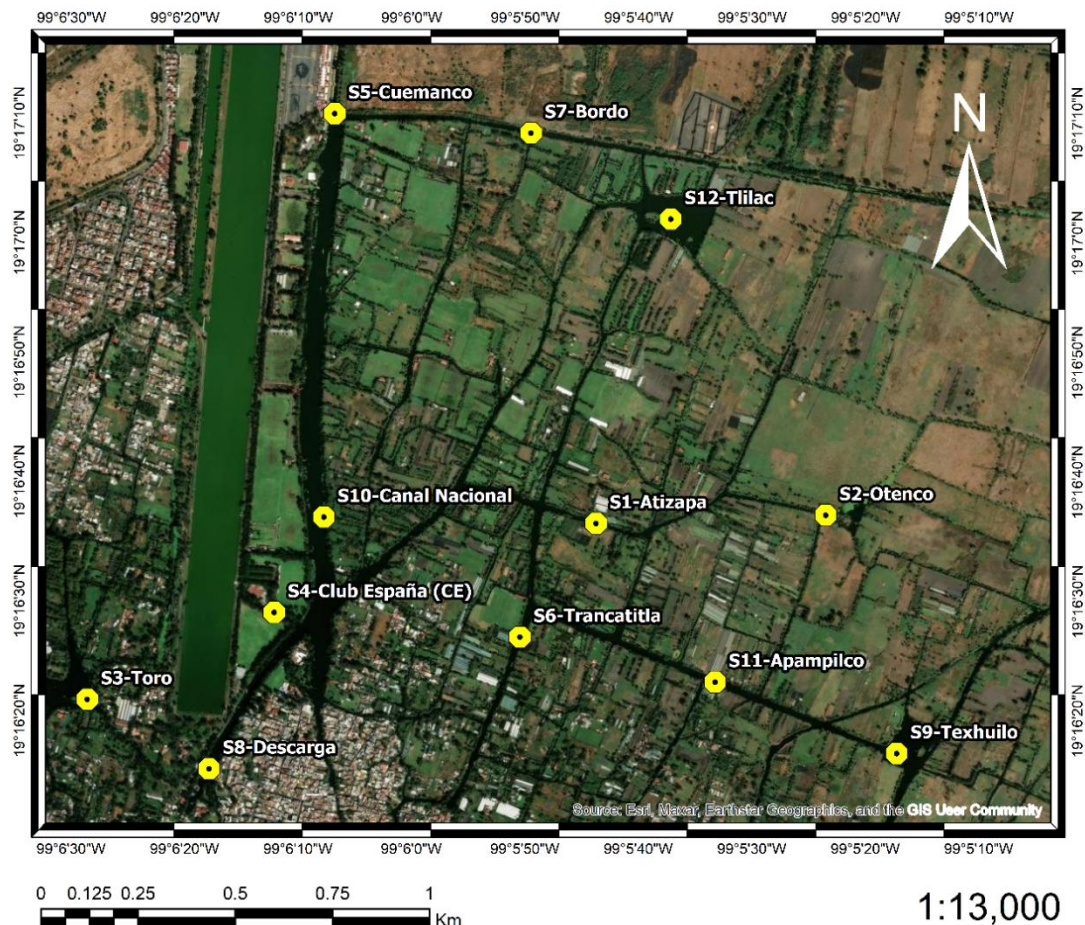


Figura 1. Distribución de los sitios de muestreo en el sistema lacustre de Xochimilco y San Gregorio Atlapulco. Elaboración propia con ArcGIS versión 10.8.

Se tomaron dos muestras de agua por cada sitio de muestreo, una a 10 cm de profundidad (Zona fótica) y otra sobre 10 cm del sedimento (Zona afótica), utilizando una botella Van Dorn. Las muestras se transportaron en botellas de plástico hasta el laboratorio para la obtención de biomasa.

Se realizaron mediciones *in situ* de la temperatura, pH y oxígeno disuelto con un medidor multiparamétrico, con un disco de Secchi se midió la profundidad y turbidez de la columna de agua. La concentración de nutrientes (NH_4^+ , NO_2^- , NO_3^- , PO_4^{3-}) y dureza del agua se determinaron por medio de kits específicos marca HAGEN.

5.2. Obtención de biomasa

Se centrifugaron 200 ml de cada muestra en una ultracentrífuga refrigerada a 13000 revoluciones por minuto (RPM). Posteriormente, se decantó el sobrenadante conservando la biomasa y se transfirió a un tubo Eppendorf de 1.5 ml. En este tubo la biomasa se centrifugo nuevamente en una microcentrífuga a 13000 RPM. Finalmente, se realizó una última decantación, y la biomasa se resuspendió en 100 μL de agua estéril y se conservó a -20°C .

5.3. Extracción de DNA

La extracción de DNA metagenómico se realizó a partir de las muestras de biomasa mediante el Animal and fungi DNA Preparation Kit, Jena Bioscience, con base en el protocolo del fabricante. Posteriormente, se amplificó mediante PCR un segmento de 464 pb de la región V3-V4 del gen 16S rDNA con el par de primers 341F/785R: 5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3'/5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3' y un segmento de 410-420 pares de bases de la región V4 del gen 18S rDNA con el par de primers FEuka/Reuka: 5'-CCAGCASCYGCGGTAATTCC-3'/5'-ACTTTCGTTCTTGATYRATGA-3' (Klindworth et al., 2013; Bilbao et al., 2023).

5.4. Parámetros de reacción de PCR y ciclado térmico

La reacción se llevó a cabo en un volumen total de 25 µL con las siguientes concentraciones finales: 10 ng de DNA, 2.5 mM de MgCl₂, 0.2 mM de dNTP, 0.8 pM de cada primer, 1X de buffer de reacción y 2 U de Taq polimerasa. Las condiciones del ciclado térmico consistieron en una desnaturalización inicial a 95 °C por 5 minutos, seguida de 35 ciclos compuestos por desnaturalización a 95 °C durante 30 segundos, alineamiento a 62 °C por 30 segundos, extensión a 72 °C durante 30 segundos y una extensión final a 72 °C por 5 minutos.

5.5. Visualización y purificación de productos de PCR

Los productos de PCR se visualizaron mediante electroforesis en un gel de agarosa al 1.5% en TAE y teñido con bromuro de etidio. La presencia de amplificaciones exitosas se verificó mediante controles negativos libres de contaminación. Posteriormente, los productos de PCR se purificaron mediante el kit de purificación Wizard® SV Gel and PCR Clean-Up System. Por último, la concentración y calidad del amplificado se evaluó con un espectrofotómetro NanoDrop 2000.

5.6. Secuenciación y análisis bioinformático

La secuenciación se realizó a través de la plataforma de secuenciación MiSeq System—Illumina, en el servicio que presta Integrated Microbiome Resource (<https://imr.bio>), Halifax, Canadá. Las secuencias obtenidas se procesaron y analizaron mediante el paquete DADA2 en R (Callahan et al., 2016). El filtrado de calidad se realizó con la función filterAndTrim(). La desreplicación y la inferencia de variantes se llevaron a cabo utilizando la configuración predeterminada de DADA2. Para la fusión de lecturas, se requirió una superposición mínima de 50 pares de bases. La eliminación de secuencias quiméricas se efectuó con la función removeBimeraDenovo(). Posteriormente, se generó la tabla de ASVs, seguida de la asignación taxonómica empleando la Protist Ribosomal Reference database (PR2, versión 4 2021) (Guillou et al., 2012) y la SILVA Small Subunit ribosomal RNA database (SILVA SSU, versión 138.2 2024) (Quast et al., 2012).

Se calcularon los índices de diversidad de Simpson y Shannon-Wiener para cada muestra utilizando el paquete phyloseq en R (McMurdie y Holmes, 2013). Y para explorar los patrones de disimilitud entre las comunidades microbianas, se realizó

un Análisis de Coordenadas Principales (PCoA) empleando la distancia euclidiana entre las comunidades

Posteriormente, se evaluó la influencia de las variables ambientales sobre las comunidades microbianas mediante la función `envfit()` del paquete `vegan` en R, utilizando 999 permutaciones para determinar su significancia estadística. Las variables ambientales se proyectaron sobre el espacio de ordenación de las comunidades, diferenciando visualmente aquellas con efectos significativos y no significativos. Asimismo, las correlaciones específicas entre los géneros microbianos y las variables ambientales se analizaron mediante el método de Spearman, empleando el paquete `corrplot` en R (Wei et al., 2017).

Para evaluar la existencia de grupos ambientales y analizar sus comunidades microbianas, se realizaron análisis de clustering sobre las variables fisicoquímicas de las muestras. Primero, las variables fisicoquímicas se escalonaron para homogeneizar sus rangos. A partir de estos datos escalados, se calculó la matriz de distancias euclidianas y se realizó un análisis de agrupamiento jerárquico mediante el método de Ward.D2, generando un dendrograma para la visualización de la similitud fisicoquímica entre las muestras.

5.7. Análisis estadístico

Los datos de composición microbiana se expresaron como porcentajes de abundancia relativa. Para evaluar las diferencias significativas entre las comunidades microbianas, se realizó un análisis de permutación multivariante (PERMANOVA) utilizando la función `adonis2` del paquete `vegan` en R. Previamente, se verificó que no existieran diferencias significativas en la dispersión de las muestras mediante un análisis de dispersión de beta-diversidad (`betadisper`), cumpliendo así uno de los supuestos necesarios para la aplicación de la PERMANOVA. Se emplearon dos enfoques de análisis: uno comparando las comunidades microbianas entre las zonas afótica y fótica, y otro agrupando las comunidades según los grupos determinados a partir del análisis de clustering de las variables fisicoquímicas.

Con respecto a las variables ambientales, los datos se presentan como promedio $\pm$ error estándar. Para evaluar diferencias significativas entre los sitios muestreados, se aplicaron análisis de varianza (ANOVA) seguidos de pruebas post hoc de Tukey para los datos que cumplieran los supuestos de normalidad y homocedasticidad, y ANOVA no paramétrico de Kruskal-Wallis con pruebas post hoc de Wilcoxon para aquellos datos que no los cumplieran. La normalidad y la homocedasticidad de los datos se evaluaron mediante las pruebas de Shapiro-Wilk y Levene, respectivamente. Todos los análisis estadísticos se realizaron en R versión 4.4.0.

6. Resultados

6.1. Parámetros fisicoquímicos

Debido a la similitud fisicoquímica entre la zona fótica y afótica de la columna de agua de cada uno de los sitios de muestreo, como se presenta más adelante en la

figura 7, se optó por tomar las réplicas de ambas zonas como réplicas en general de la columna de agua, lo que permitió obtener los siguientes resultados (Tabla 1).

El pH osciló entre 8.15 ± 0.02 en el sitio Descarga y 9.25 ± 0.07 en Otenco, que fue el sitio con mayor pH con diferencia significativa respecto a los demás sitios. La conductividad varió entre $803.3 \pm 7.77 \mu\text{S/cm}$ en Toro hasta $927 \pm 17.49 \mu\text{S/cm}$ en Tlilac, que fue junto con Bordo los sitios con mayor conductividad con diferencia significativa.

En cuanto a la temperatura, los valores estuvieron entre $22.3 \pm 0.38 ^\circ\text{C}$ (Bordo) y $27.07 \pm 0.20 ^\circ\text{C}$ (Otenco), siendo este último significativamente más cálido que la mayoría de los demás sitios.

La transparencia del agua mostró un rango amplio, desde 15 cm en Trancatitla hasta 60 cm en Texhuilo, indicando variaciones importantes en la turbidez. Por otro lado, la profundidad varió de 30 a 180 cm, con Cuemanco presentando la columna de agua más profunda.

Los valores de oxígeno disuelto (OD) registrados en los distintos sitios de muestreo presentaron variaciones importantes, con un rango que va desde $5.62 \pm 0.11 \text{ mg/L}$ en Cuemanco hasta $17.05 \pm 0.95 \text{ mg/L}$ en Otenco, y se registraron diferencias significativas entre varios de los sitios.

Tabla 1. Parámetros fisicoquímicos promedio $\pm$ E.E. de la columna de agua en los sitios de muestreo.

Sitio	pH	Conductividad ($\mu\text{S/cm}$)	Temperatura ($^\circ\text{C}$)	OD (mg/L)	Transp (cm)	Prof (cm)
Atizapa	9 ± 0^a	832 ± 0.77^a	25.82 ± 0.16^{ab}	13.83 ± 0.53^a	25	50
Otenco	9.25 ± 0.03^f	808.33 ± 3.56^f	27.07 ± 0.15^g	17.05 ± 0.95^g	32	65
Toro	8.52 ± 0.21^{abcd}	803 ± 17.49^{adf}	23.63 ± 0.91^{bdef}	12.68 ± 3.05^{abcdefg}	37	64
Club España	8.25 ± 0.03^d	838.67 ± 0.67^d	25 ± 0.07^e	9.82 ± 0.27^d	23	41
Cuemanco	8.90 ± 0^b	847.67 ± 0.92^e	23.10 ± 0.09^{cf}	5.62 ± 0.11^e	45	180
Trancatitla	8.83 ± 0.02^c	823.5 ± 6.92^{adf}	25.65 ± 0.02^b	12.45 ± 0.68^{ab}	15	64
Bordo	8.45 ± 0.16^{de}	922.33 ± 1.50^b	23.23 ± 0.02^c	8.50 ± 0.11^c	25	75
Descarga	8.15 ± 0.07^d	859 ± 0.89^c	22.90 ± 0.05^f	6.32 ± 0.12^f	50	170
Texhuilo	8.82 ± 0.08^{abce}	819.83 ± 6.68^{af}	26.12 ± 0.43^{abg}	12.87 ± 0.87^{ab}	60	150
Canal Nacional	8.88 ± 0.05^{abc}	856 ± 0.45^c	24.43 ± 0.08^d	8.68 ± 0.23^c	40	93
Apampilco	8.95 ± 0.04^{abc}	824.83 ± 3.26^a	26.07 ± 0.11^a	13 ± 0.67^{ab}	21	85
Tlilac	8.98 ± 0.02^a	927 ± 5.14^b	26.30 ± 0.20^{ag}	11.28 ± 0.19^b	30	47

Nota: Letras distintas indican diferencias significativas entre sitios ($p < 0.05$). E.E = Error estándar; OD = Oxígeno disuelto; Transp = Transparencia; Prof = Profundidad

En la tabla 2 se presentan las concentraciones promedio de los nutrientes y dureza general del agua de los diversos sitios muestreados. Los sitios con mayores concentraciones de nitratos fueron Descarga y Trancatilla, ambos con 25 mg/L, seguidos por Bordo con $18.15 \pm 6.85 \text{ mg/L}$. En contraste, los valores más bajos se observaron en Atizapa (1.13 mg/L) y Club España (1.33 mg/L).

En cuanto a nitritos, los valores más elevados (1 mg/L) se encontraron en Club España y Apampilco, mientras que los niveles más bajos se registraron en Atizapa (0.03 mg/L) y Toro (0.16±0.07 mg/L).

Para amonio, las concentraciones se mantuvieron en niveles bajos en la mayoría de los sitios, destacando Atizapa (0.70±0.1 mg/L) como el sitio con el valor más alto, y Apampilco (0.20±0.1 mg/L) como el más bajo.

En el caso de los fosfatos, Otenco presentó el valor más alto con 5.25±0.25 mg/L, seguido de Texhuilo (3.75±1.25 mg/L). Los valores más bajos se registraron en Cuemanco (0.25 mg/L) y Descarga (0.25±0 mg/L). Y la dureza general del agua, los valores variaron entre 85±5 mg/L en Atizapa y 180±20 mg/L en Otenco, siendo este último el de mayor dureza.

El análisis de varianza no paramétrico (Kruskal-Wallis) indicó diferencias significativas en la concentración de nitritos, nitratos y fosfatos entre los sitios ($p < 0.05$). Sin embargo, las pruebas post hoc pareadas (Wilcoxon con corrección de Bonferroni) no identificaron diferencias significativas entre pares específicos de sitios. Esta contradicción se puede atribuir al bajo número de repeticiones por sitio ($n = 2$) y a la nula varianza en algunos de los sitios (Fig. 2, 3 y 4). A pesar de esto, los resultados del Kruskal-Wallis sugieren una posible heterogeneidad espacial en la concentración de estos nutrientes que podría ser confirmada con un mayor número de réplicas en futuros estudios.

En el caso de la concentración de Amonio y Dureza general, con base en análisis de varianza no paramétrico (Kruskal-Wallis), no se encontró diferencia significativa entre los sitios ($p < 0.05$) (Fig. 5 y 6).

Tabla 2. Concentraciones promedio ± E.E. de nutrientes y dureza general de la columna de agua de los sitios de muestreo.

Sitio	Nitratos (mg/L)	Nitritos (mg/L)	Amonio (mg/L)	Fosfatos (mg/L)	Dureza general (mg/L)
Atizapa	1.13±0	0.03±0	0.70±0.1	0.50±0	85±5
Otenco	7.93±3.43	0.37±0.11	0.30±0	5.25±0.25	180±20
Toro	2.83±1.70	0.16±0.07	0.20±0	0.75±0.25	100±0
Club España	1.33±0	1±0	0.44±0	1±0	105±45
Cuemanco	7.90±3.4	0.48±0	0.32±0	0.25±0	140±0
Trancatitla	25±0	1±0	0.16±0	3.75±1.25	150±10
Bordo	18.15±6.85	0.5±0	0.40±0.08	2.5±0	130±10
Descarga	25±0	0.48±0	0.22±0.09	0.25±0	160±0
Texhuilo	7.95±3.41	0.36±0.12	0.41±0.09	3.75±1.25	130±10
Canal Nacional	3.38±1.11	0.03±0	0.08±0.02	1.75±0.75	170±30
Apampilco	1.33±0	1±0	0.20±0.1	1±0	125±55
Tlilac	7.90±3.4	0.38±0.12	0.45±0.15	2.5±0	110±10

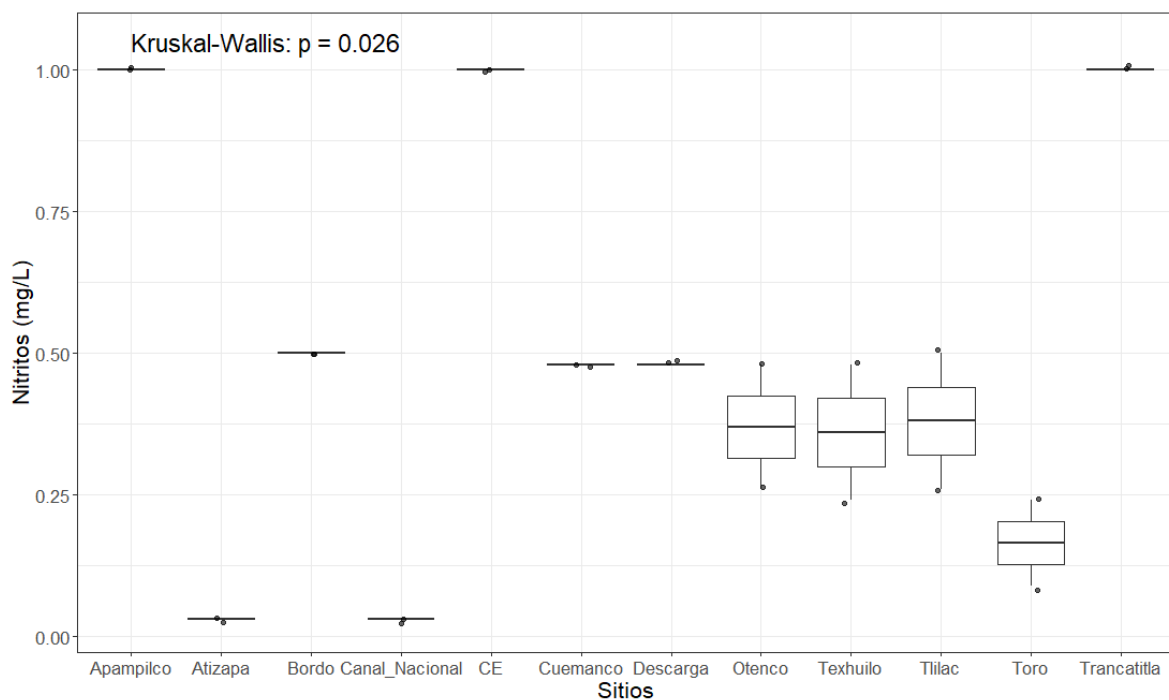


Figura 2. Concentraciones de Nitritos en los distintos sitios de muestreo. Cajas = Rangos intercuartílicos. Línea horizontal dentro de la caja = Mediana.

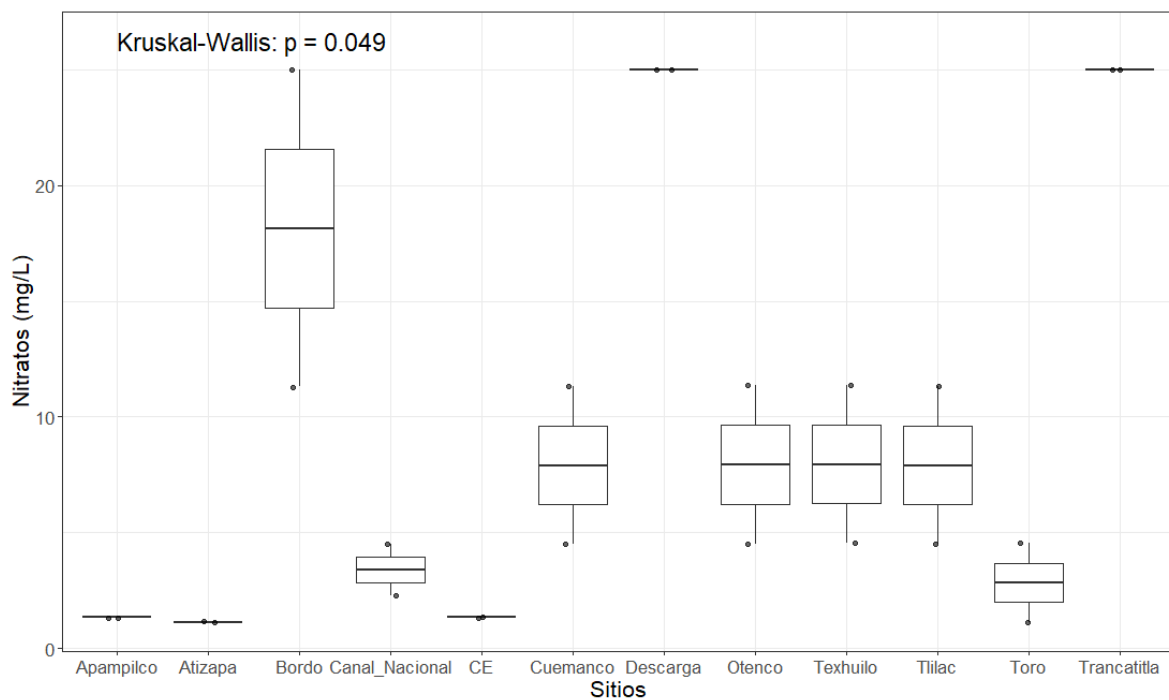


Figura 3. Concentraciones de Nitratos en los distintos sitios de muestreo. Cajas = Rangos intercuartílicos. Línea horizontal dentro de la caja = Mediana.

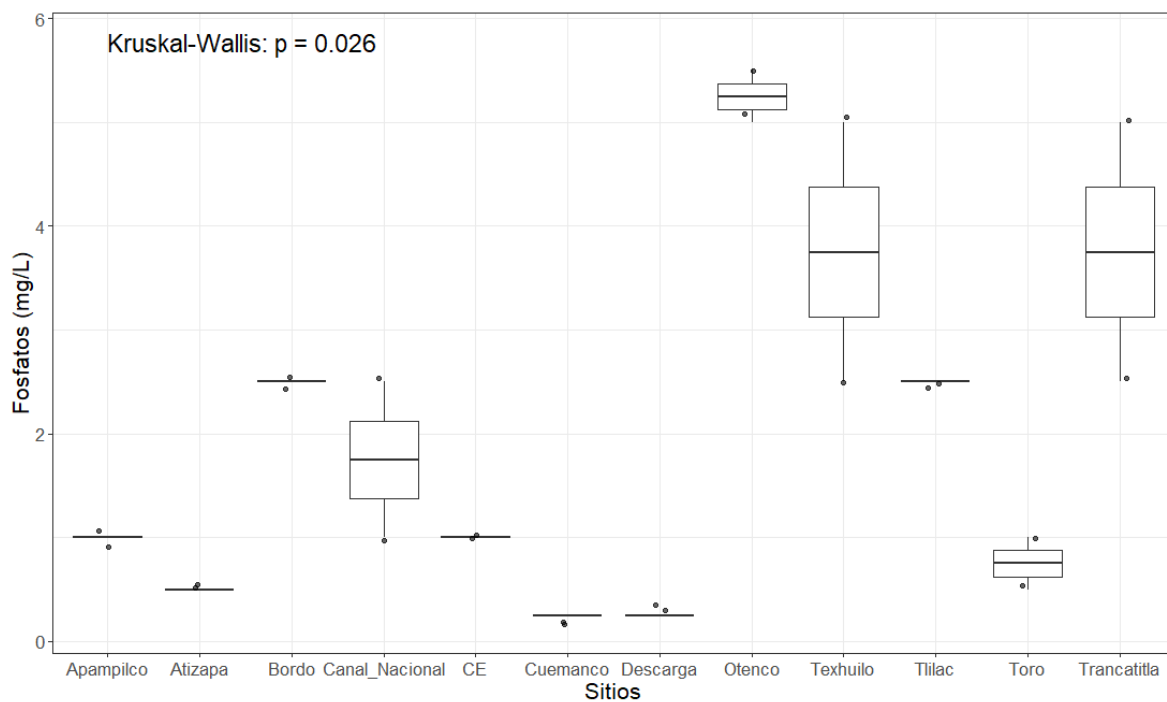


Figura 4. Concentraciones de Fosfatos en los distintos sitios de muestreo. Cajas = Rangos intercuartílicos. Línea horizontal dentro de la caja = Mediana.

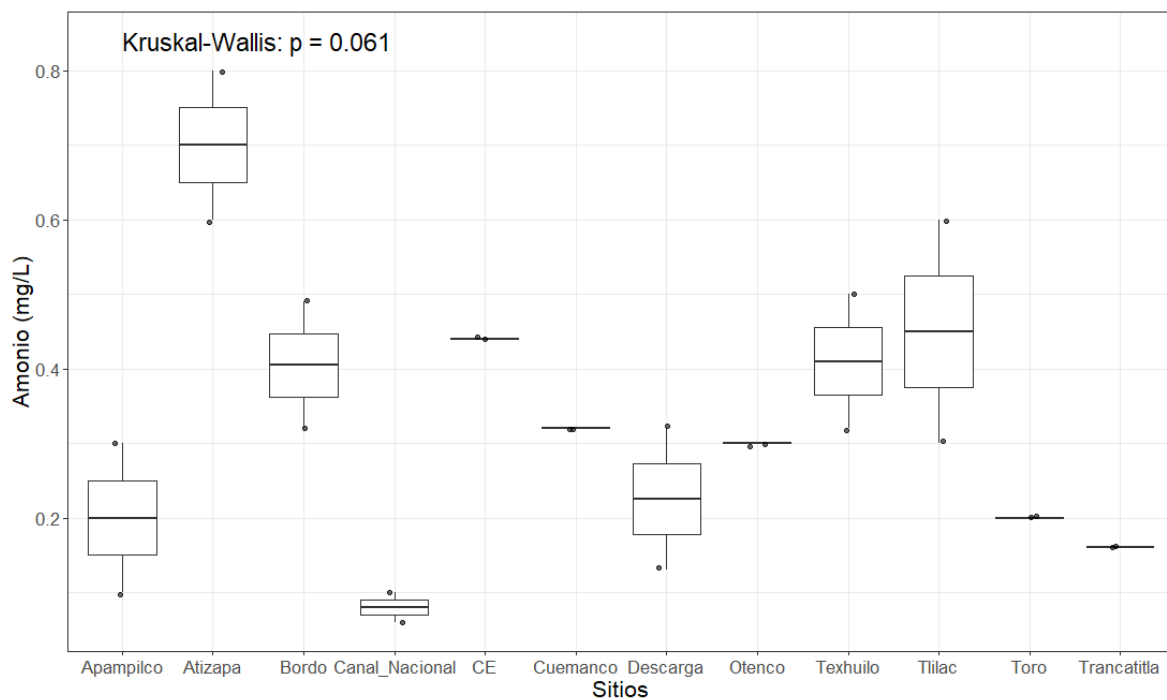


Figura 5. Concentraciones de Amonio en los distintos sitios de muestreo. Cajas = Rangos intercuartílicos. Línea horizontal dentro de la caja = Mediana

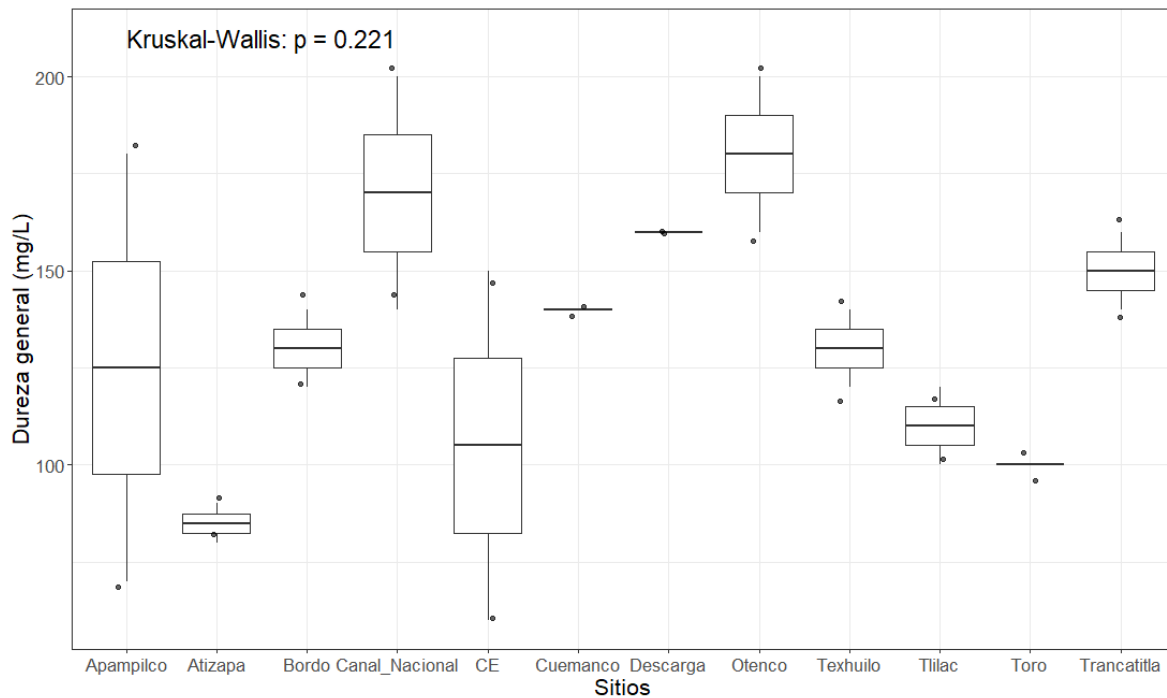


Figura 6. Concentraciones de la Dureza general en los distintos sitios de muestreo.
Cajas = Rangos intercuartílicos. Línea horizontal dentro de la caja = Mediana.

El análisis de agrupamiento jerárquico, basado en los parámetros fisicoquímicos de las zonas fótica y afótica (Anexos: Tablas 1 y 2), no solo mostró la similitud entre ambas zonas en los sitios de muestreo (excepto en la Laguna del Toro), sino que también reveló la formación de tres grupos ambientales claramente diferenciados (Fig. 7).

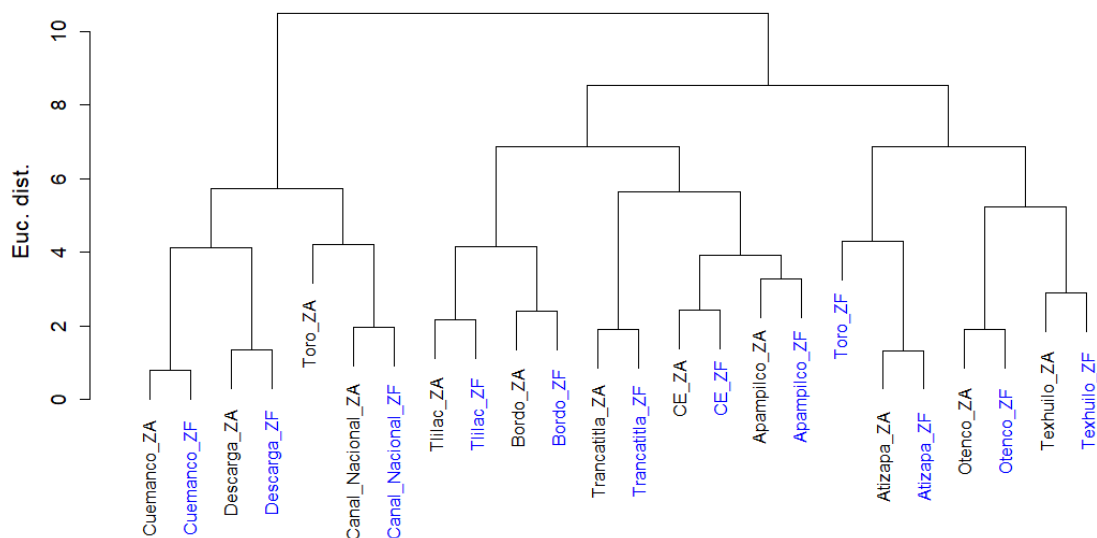


Figura 7. Dendrograma de agrupamiento jerárquico de los sitios de muestreo basado en los parámetros fisicoquímicos promedio de la zona fótica y afótica

El Grupo 1 está compuesto por ambas muestras de Atizapa, Otenco, Texhuilo y por la zona fótica de Toro. Este grupo se caracteriza por los niveles más altos de oxígeno disuelto, que varían entre 14.4 y 19.07 mg/L. La transparencia del agua es alta, con valores entre 30 y 50 cm. La conductividad es la más baja de todos los grupos, con valores entre 805 y 834.67.

El segundo grupo se encuentra formado por las muestras de la zona fótica y afótica de los sitios Cuemanco, Descarga, Canal Nacional y la zona afótica de Toro. Se caracteriza principalmente por niveles de oxígeno disuelto bajos a moderados (5.66-10.33 mg/L). Las concentraciones de nitratos se encuentran entre 4.5 y 8.4 mg/L, y la conductividad eléctrica es moderadamente alta, con valores que oscilan entre 831.3 y 849.67 $\mu\text{S}/\text{cm}$. La transparencia es baja, con valores entre 25 y 37 cm, y las profundidades varían entre 41 y 170 cm. Además, se observan concentraciones de amonio de hasta 0.48 mg/L y nitritos entre 0.26 y 0.44 mg/L.

El tercer grupo incluye ambas muestras de los sitios de Tililac, Bordo, Trancatitla, Club España (CE) y Apampilco. Las características fisicoquímicas destacadas de este grupo son las concentraciones de nitratos elevadas, que oscilan entre 8.4 y 25 mg/L. El oxígeno disuelto que oscila de 8.3 a 14.43 mg/L, y la conductividad con valores entre 817.67 y 938.33 $\mu\text{S}/\text{cm}$. La transparencia es intermedia, con valores entre 25 y 45 cm. El pH varía entre 8.2 y 9.03, y las concentraciones de amonio y nitritos son generalmente bajas, no superando los 0.5 mg/L. Las profundidades de las muestras varían desde 30 hasta 180 cm.

6.2. Diversidad identificada mediante el análisis metagenómico del gen 16S rDNA

Se obtuvo un total de 9,654 variantes de secuencias de amplicón (ASVs), de los cuales se conservaron 2,407 tras eliminar 6,570 secuencias quiméricas, 675 asignadas a cloroplastos y 2 a diatomeas. De los 2,407 ASVs el 37.22% (896 ASVs) quedaron sin una clasificación taxonómica (NA), mientras que el 62.78% (1511 ASVs) se registraron a 25 filos, donde el filo con mayor abundancia de ASVs fue Actinomycetota, con 616 (25.59%) seguido de Pseudomonadota con 354 (14.70%) (Anexos: Tabla 3).

Los filos más representativos (con más del 3% de las secuencias), se muestran en la figura 8, así como su abundancia relativa en cada una de las muestras. En general, el filo más abundante en las muestras fue Actinomycetota, tanto en las muestras de la zona fótica, como en las de la zona afótica, representando respectivamente un 53.90% y 49.10% del total de las secuencias de los principales filos, seguido de Pseudomonadota, con una representación del 25.50% en la zona fótica y 25.60% en la zona afótica (Figura 9, 10 y 11).

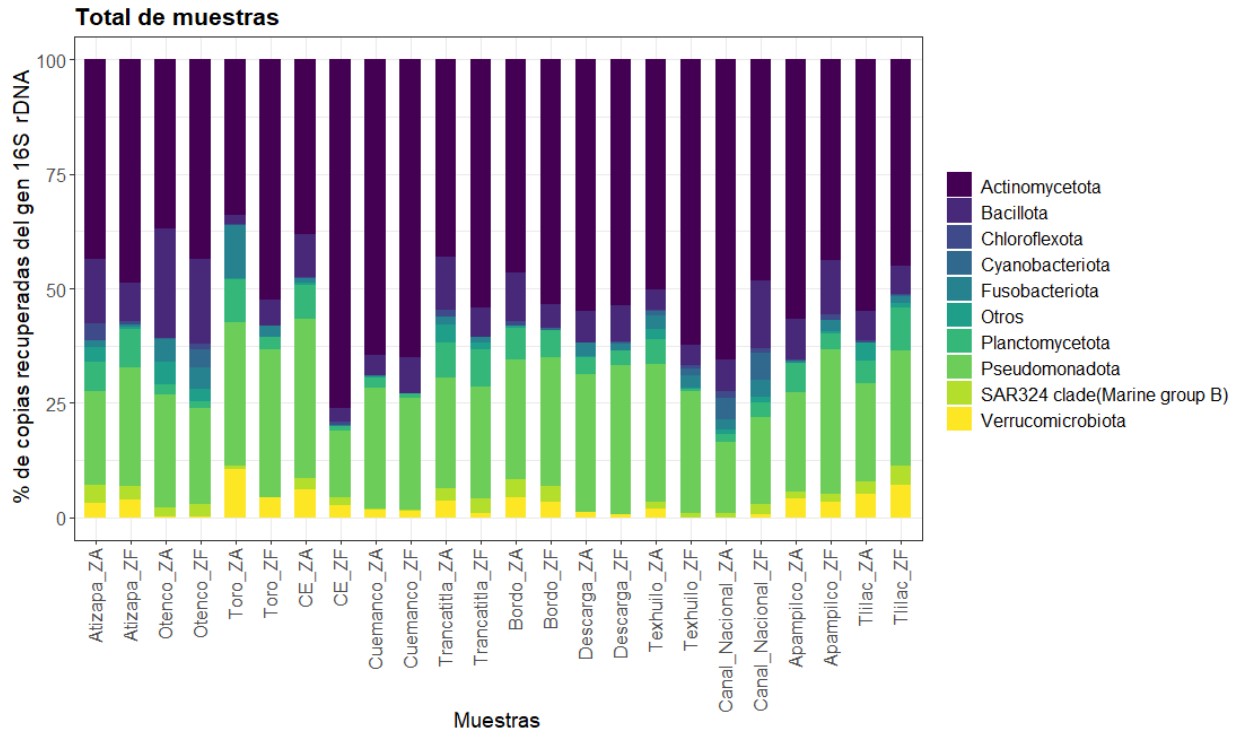


Figura 8. Abundancia relativa por muestra de los principales filos bacterianos. Otros = Filos con menos del 3% de las cuentas

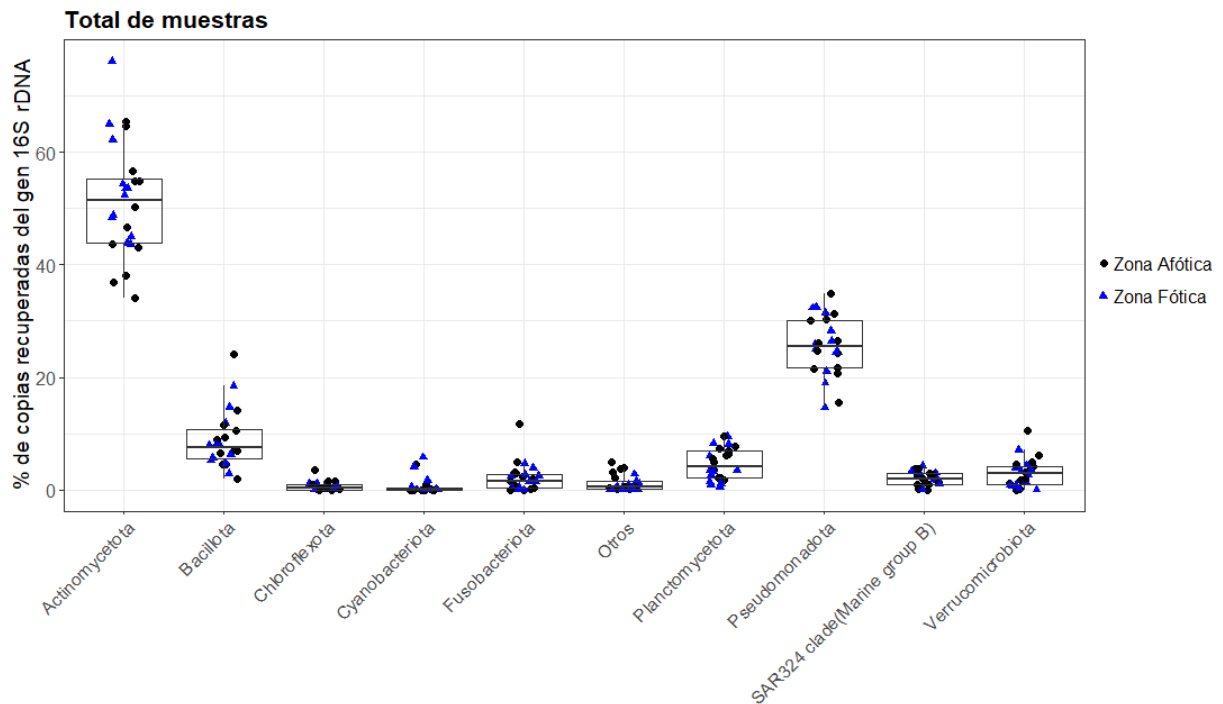


Figura 9. Distribución del porcentaje de copias del gen 16S rDNA de los principales filos bacterianos en ambos tipos de muestra (zona fótica y afótica).

Muestras zona fótica

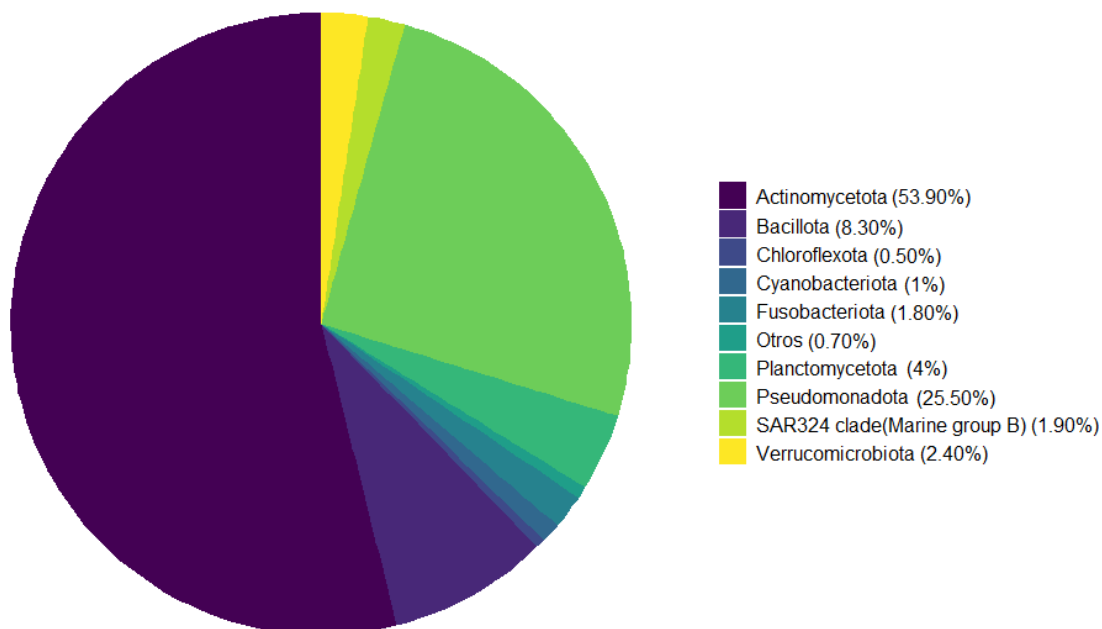


Figura 10. Porcentaje de secuencias asignadas de los principales filos bacterianos en las muestras de la zona fótica.

Muestras zona afótica

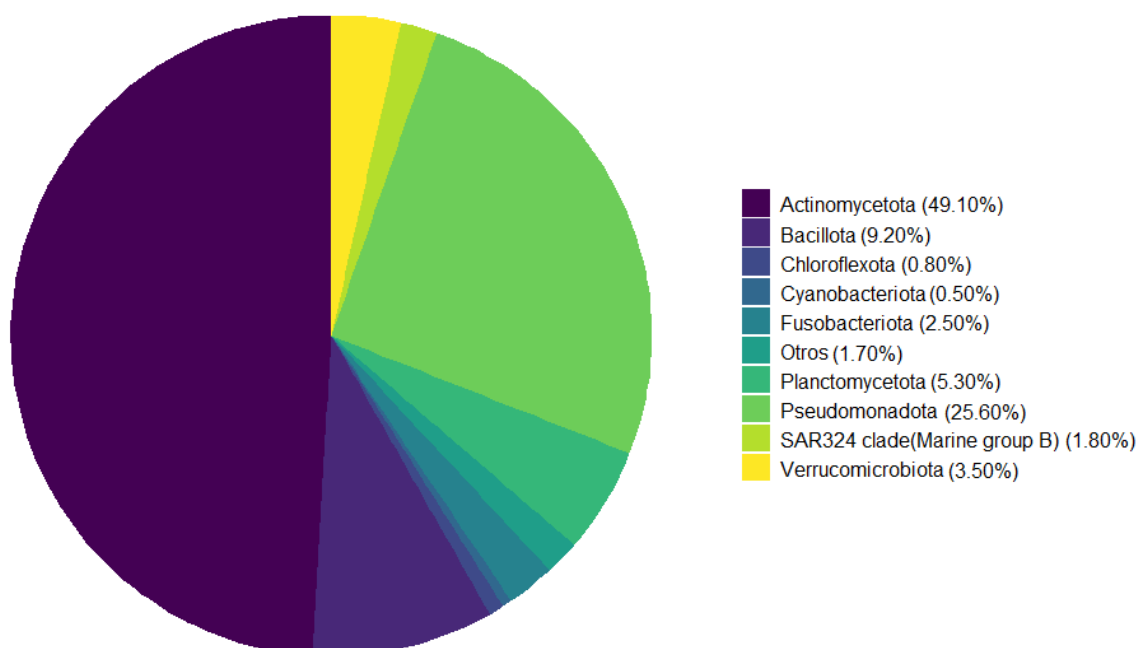


Figura 11. Porcentaje de secuencias asignadas de los principales filos bacterianos en las muestras de la zona afótica.

A nivel de familia, los ASVs más abundantes fueron Incertae Sedis_93 (162 ASVs, 6.73%), Pirellulaceae (157 ASVs, 6.52%) y Mycobacteriaceae_2 (154 ASVs, 6.39%) (Anexos: Tabla 4). Se registro un total de 120 familias, de las cuales se muestran las más representativas en la figura 12.

La familia con mayor abundancia en las muestras, tanto de la zona fótica como afótica, fue Mycobacteriaceae_2 con un 20.70% y 19.90% del total de las secuencias de las principales familias (Figura 13, 14 y 15).

En los diagramas de cajas, se puede notar que en general, los puntos de la Zona Afótica están más concentrados, lo que indica una menor variabilidad en los porcentajes de abundancia de los diferentes taxones dentro de esa zona. Esto sugiere que la comunidad microbiana en la Zona Afótica podría ser más homogénea en cuanto a su distribución, en comparación con la Zona Fótica donde se observa una mayor dispersión (Figura 13).

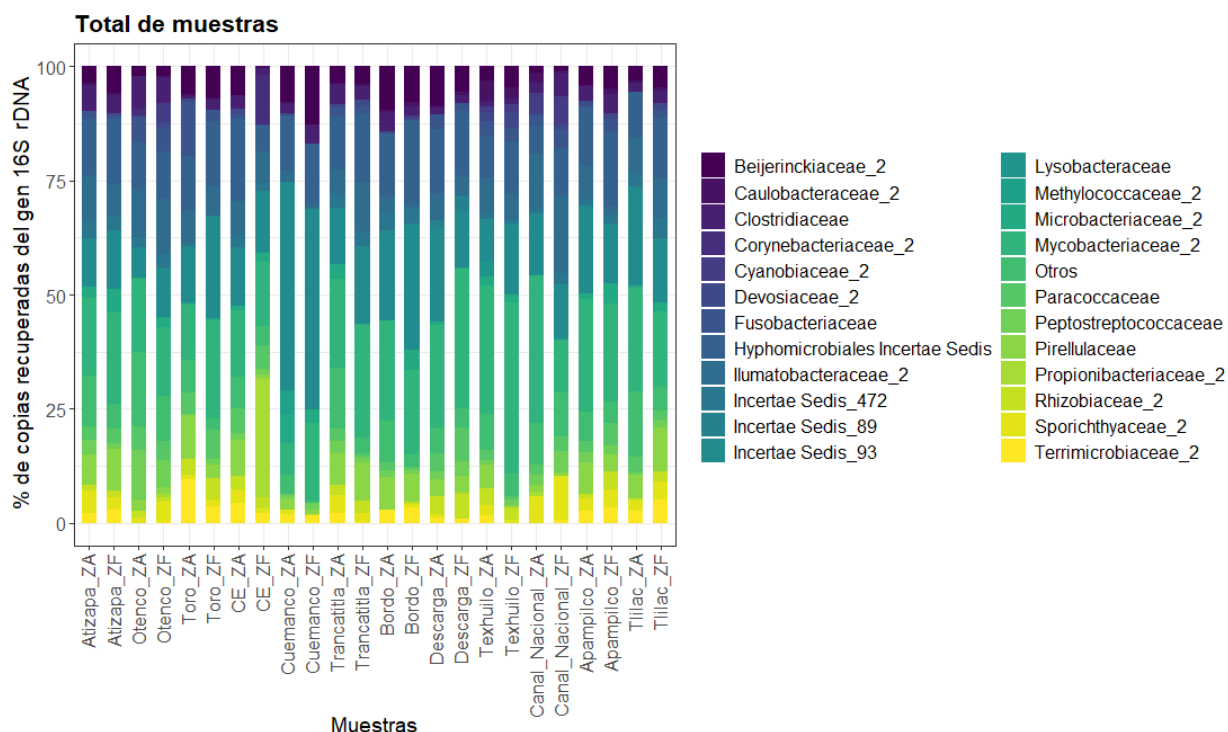


Figura 12. Abundancia relativa por muestra de las principales familias bacterianas.
Otros = Familias con menos del 3% de las cuentas

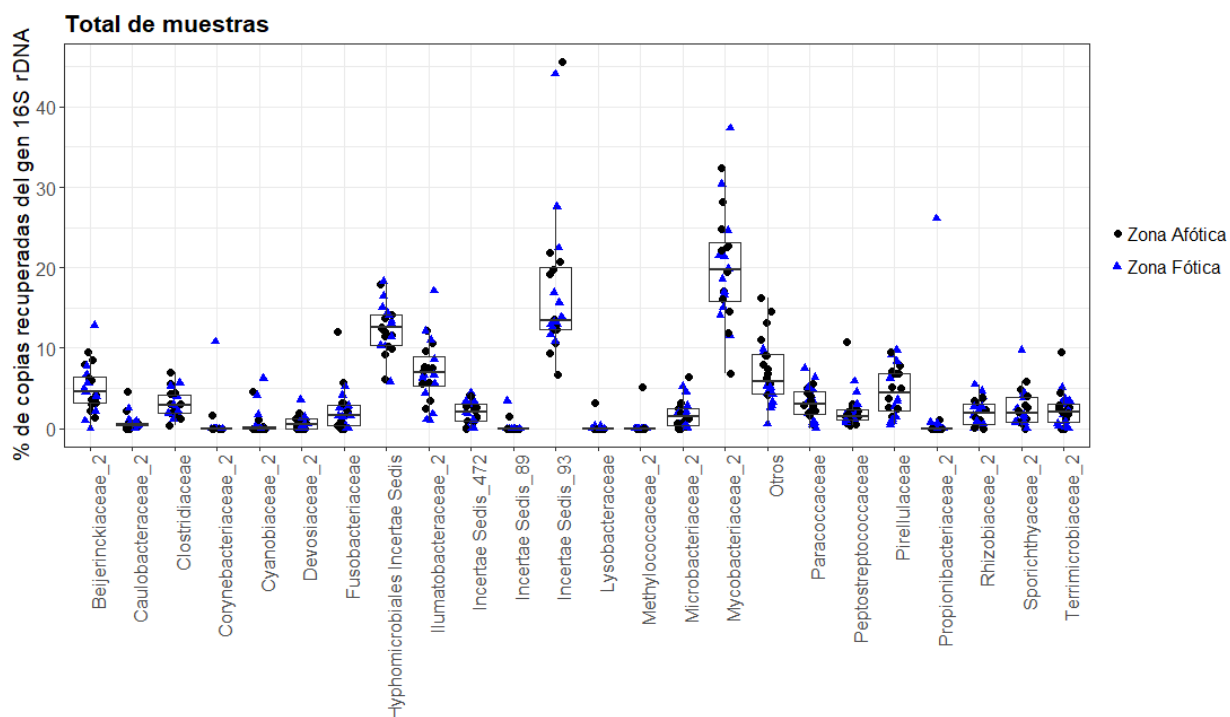


Figura 13. Distribución del porcentaje de copias del gen 16S rDNA de las principales familias bacterianas en ambos tipos de muestra (zona fótica y afótica).

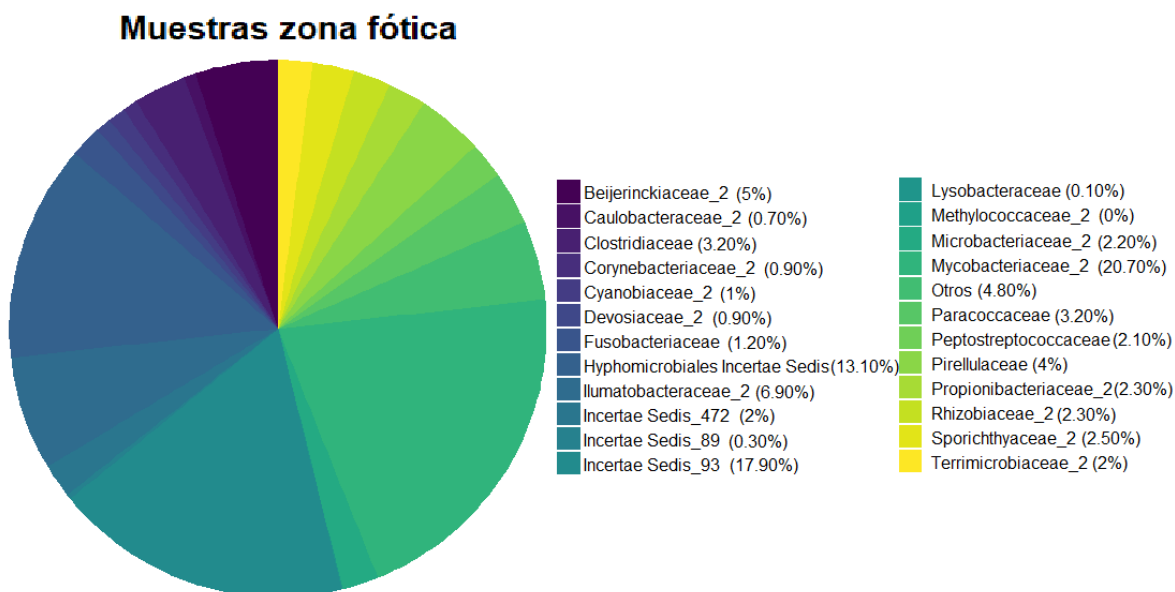


Figura 14. Porcentaje de secuencias asignadas de las principales familias bacterianas en las muestras de la zona fótica.

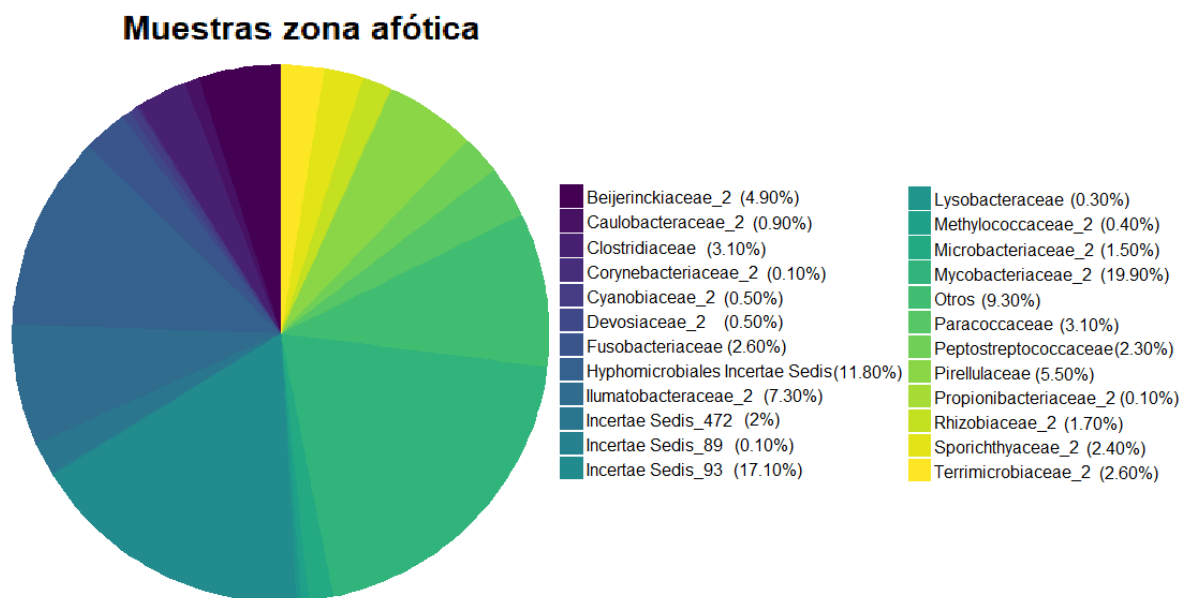


Figura 15. Porcentaje de secuencias de las principales familias bacterianas en las muestras de la zona fótica.

En cuanto a los géneros, de los 143 que se registraron (Anexos: Tabla 5), el de mayor numero de ASVs fue *Incertae Sedis_159* (162 ASVs, 6.73%) y *Mycobacterium_2* (137 ASVs, 5.69%), los géneros más representantes se pueden observar en la figura 16. El género con mayor abundancia en las muestras fue *Mycobacterium_2*, con un 23.90% del total de las secuencias de las muestras de la zona fótica y el 22.80% de las de la zona afótica (Figura 17, 18 y 19).

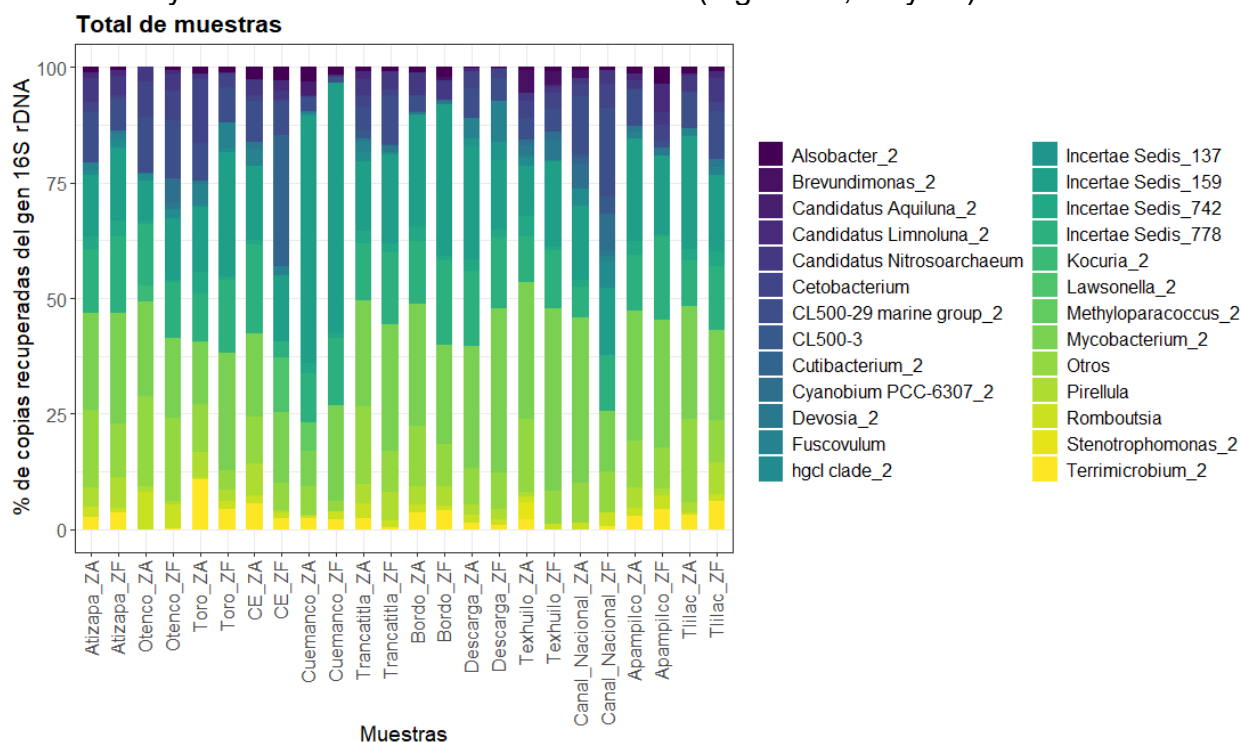


Figura 16. Abundancia relativa por muestra de los principales géneros bacterianos.
Otros = Géneros con menos del 3% de las cuentas

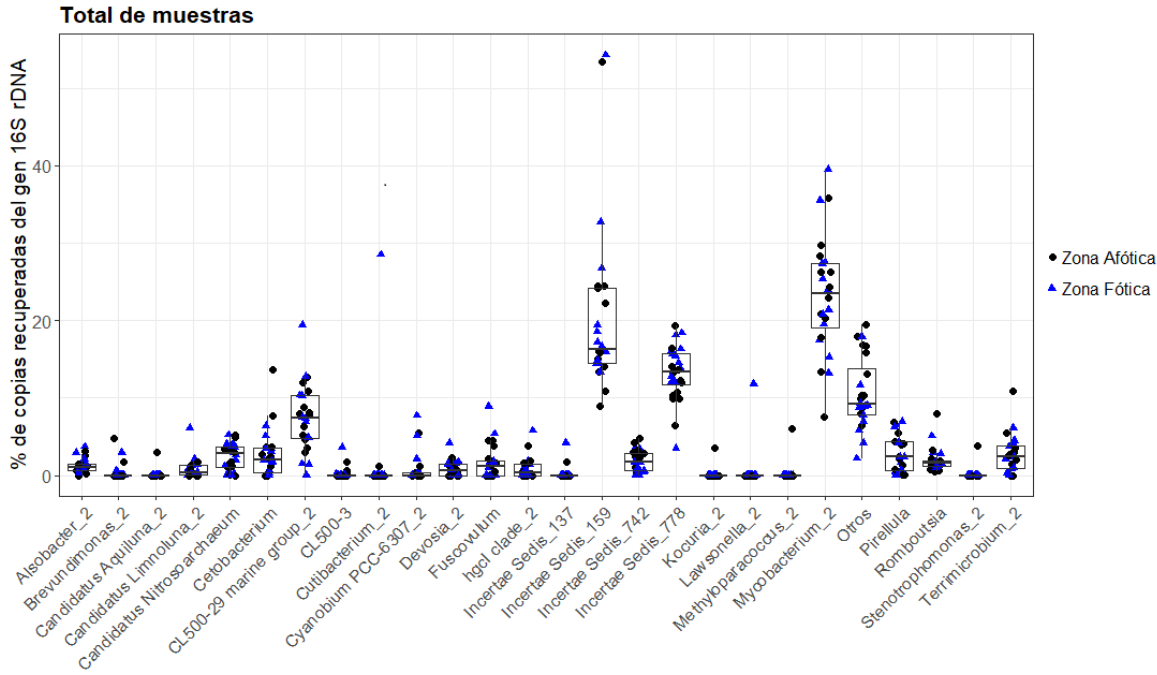


Figura 17. Distribución del porcentaje de copias del gen 16S rDNA de los principales géneros bacterianos en ambos tipos de muestra (zona fótica y afótica).

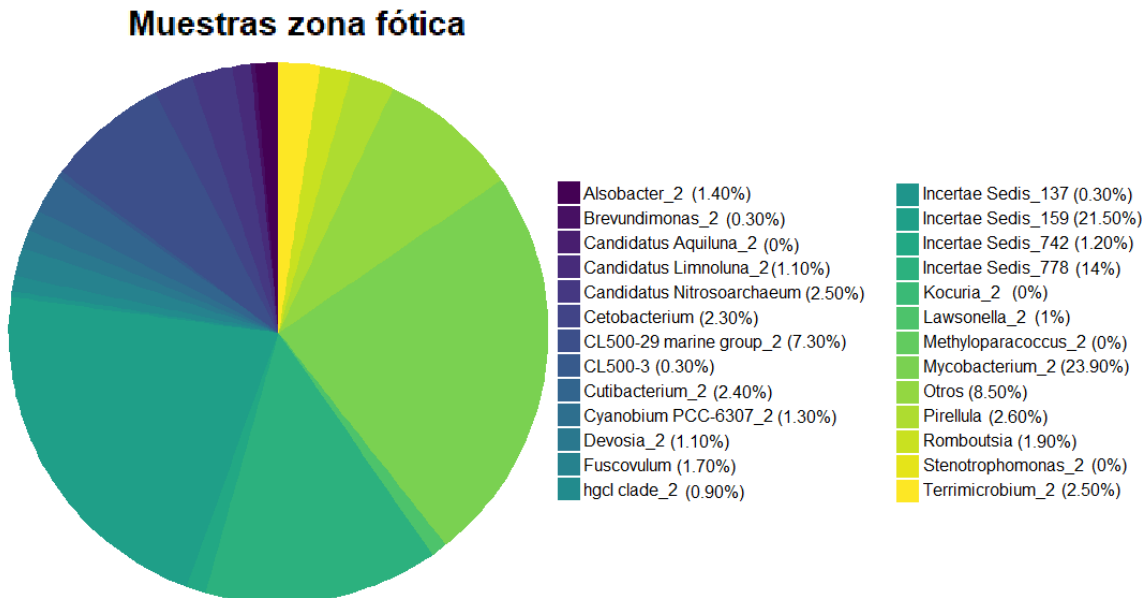


Figura 18. Porcentaje de secuencias asignadas de los principales géneros bacterianos en las muestras de la zona fótica.

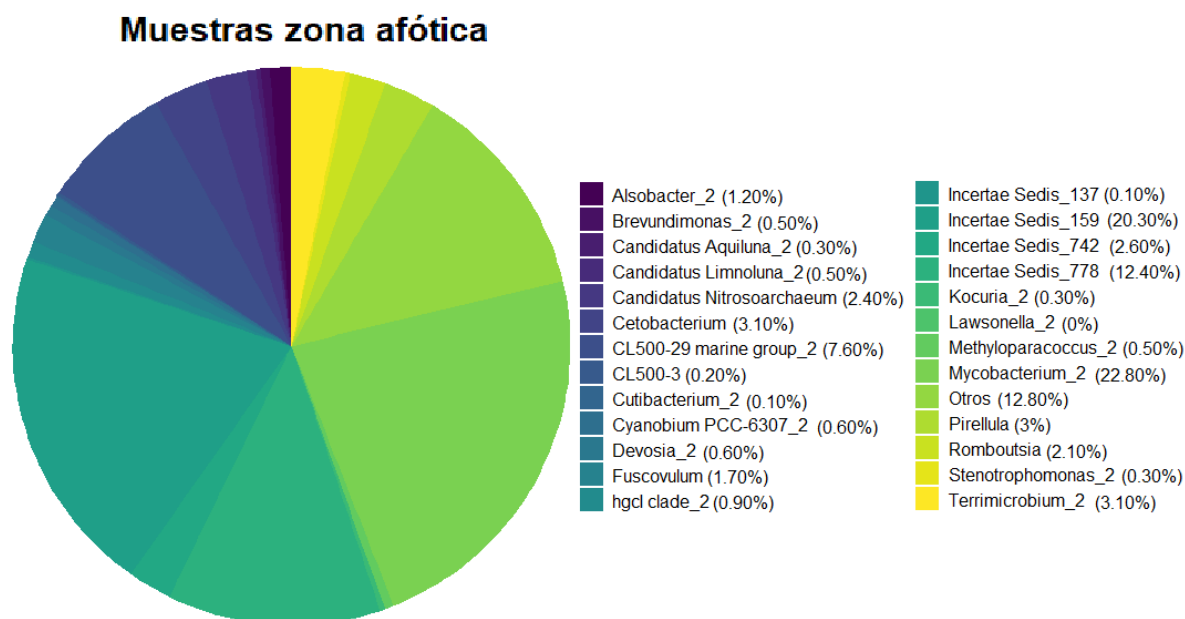


Figura 19. Porcentaje de secuencias asignadas de los principales géneros bacterianos en las muestras de la zona fótica

También se observa en la figura 18 y 19, que algunos géneros se registraron solamente en la zona fótica y otros que solo se registraron en la afótica, como el género *Methyloparacoccus_2*, que solo tuvo presencia en las muestras de la zona afótica,

En cuanto a la diversidad alfa, se observa en la figura 20 que los sitios con mayor diversidad según el índice de Shannon fueron Atizapa, Texhuilo y Trancatitla, con valores superiores a 5.9. En contraste, el sitio Club España presentó el valor más bajo, con una diversidad por debajo de 5.5, sugiriendo una menor complejidad ecológica en esa muestra.

De igual manera, el índice de Simpson reflejó una alta diversidad en los mismos sitios, con valores cercanos a 0.997, mientras que Club España volvió a mostrar el valor mínimo dentro del conjunto de muestras, cercano a 0.992. A pesar de que la diversidad alfa fue alta en general en todos los sitios, existen diferencias entre ellos, siendo Atizapa, Texhuilo y Trancatitla los ambientes más diversos.

Por otro lado, al analizar la diversidad alfa separando las zonas fótica y afótica, se observó un patrón general en el que la diversidad fue mayor en el fondo en comparación con la superficie en la mayoría de los sitios muestreados. Según el índice de Shannon, los valores más altos se registraron en las muestras de fondo de Atizapa, Texhuilo y Trancatitla, todas por encima de 5.8, mientras que los valores más bajos correspondieron a la superficie del sitio Club España, con una diversidad por debajo de 4.3. Este mismo patrón se reflejó en el índice de Simpson, donde las muestras de fondo mostraron valores cercanos a 0.997 (Figura 21).

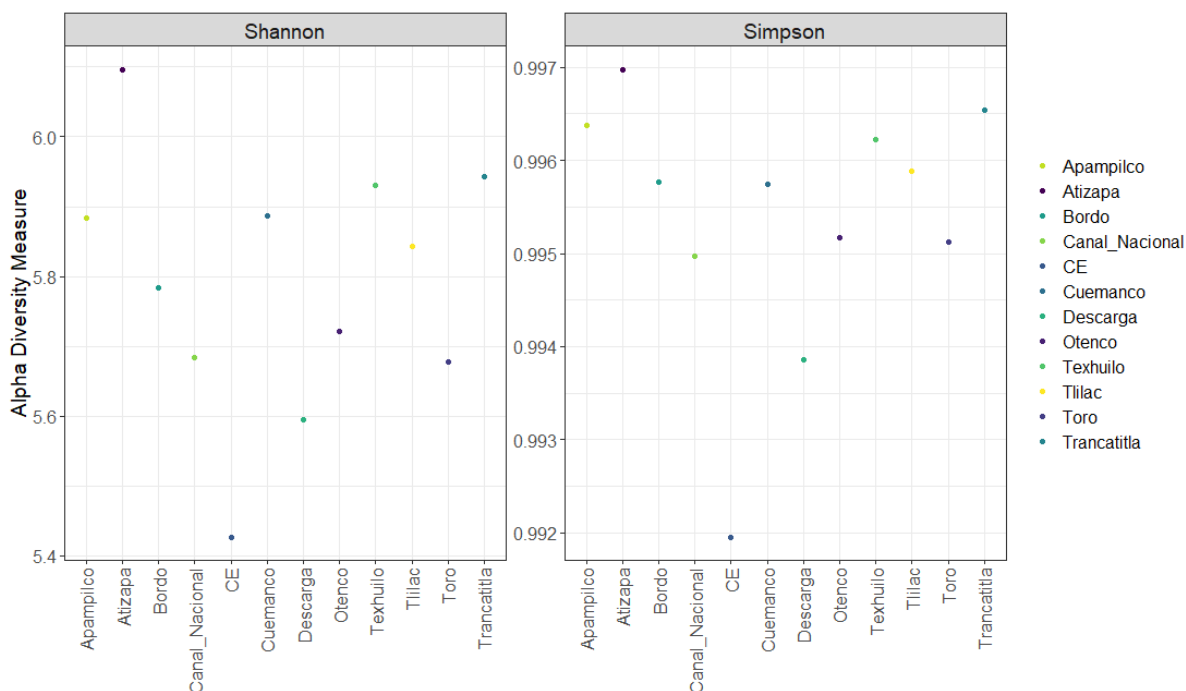


Figura 20. Diversidad alfa promedio, de las comunidades bacterioplanctónicas, por sitio de muestreo calculada mediante los índices de Shannon y Simpson.

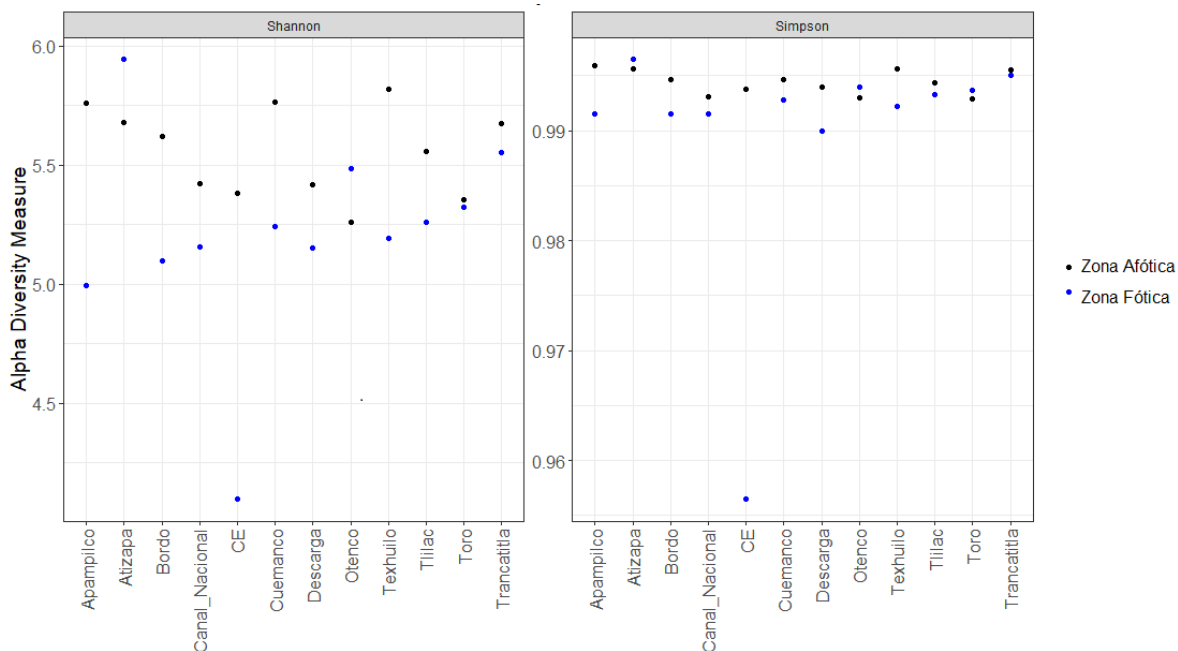


Figura 21. Diversidad alfa, de las comunidades bacterioplanctónicas, por sitio y profundidad (zona fótica y afótica) usando los índices de Shannon y Simpson.

6.3. Influencia de los parámetros fisicoquímicos sobre la comunidad del bacterioplancton

Con base en el PCoA mostrado en la Figura 22, no se observó una separación clara entre las comunidades biológicas de la zona fótica (superficie) y la zona afótica (fondo). La prueba estadística PERMANOVA arrojó un valor de $p = 0.774$, lo cual indica que no existen diferencias significativas en la composición de comunidades entre ambas zonas. En el gráfico, los puntos correspondientes a las muestras de superficie (en azul) y de fondo (en negro) tienden a agruparse por sitio más que por profundidad. Esta cercanía sugiere una alta similitud vertical en la estructura de la comunidad. Por otro lado, el PCoA agrupado por grupo ambiental (Figura 23) reveló una clara estructuración de las comunidades biológicas según el grupo. La prueba de PERMANOVA arrojó un valor $p = 0.002$, indicando diferencias estadísticamente significativas en la composición entre los grupos.

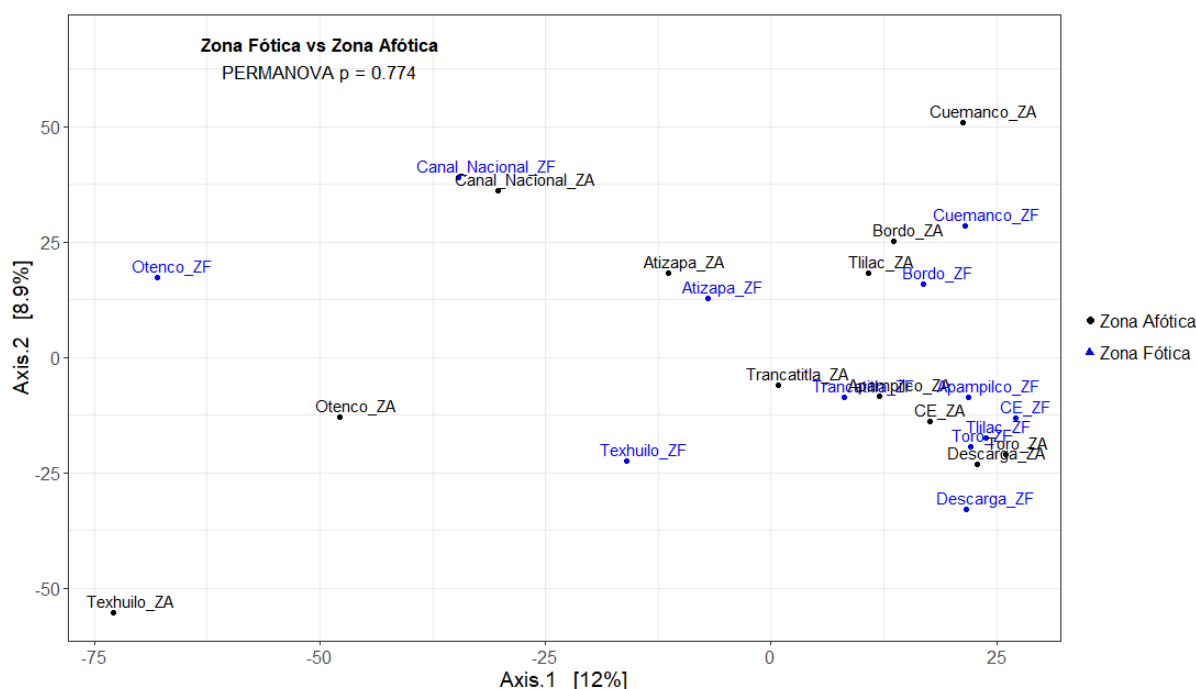
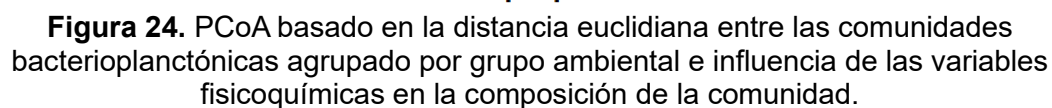
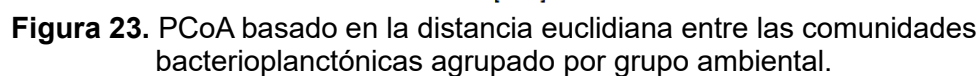


Figura 22. PCoA basado en la distancia euclidiana entre las comunidades bacterioplanctónicas agrupado por profundidad.

Las variables ambientales con mayor influencia sobre la composición de las comunidades microbianas fueron el pH, los fosfatos y los nitritos, las cuales se identifican como significativas. Por otro lado, variables como la dureza general, la temperatura y la conductividad presentaron una menor o no significativa contribución en la estructuración microbiana. En conjunto, estos resultados sugieren que los gradientes de nutrientes y las condiciones fisicoquímicas, especialmente la concentración de compuestos nitrogenados y fosfatados, son factores que determinan la composición y diferenciación de las comunidades microbianas entre los distintos sitios de muestreo (Figura 24). La relación específica entre cada variable ambiental y los principales géneros bacterianos se presenta en la Figura 25.



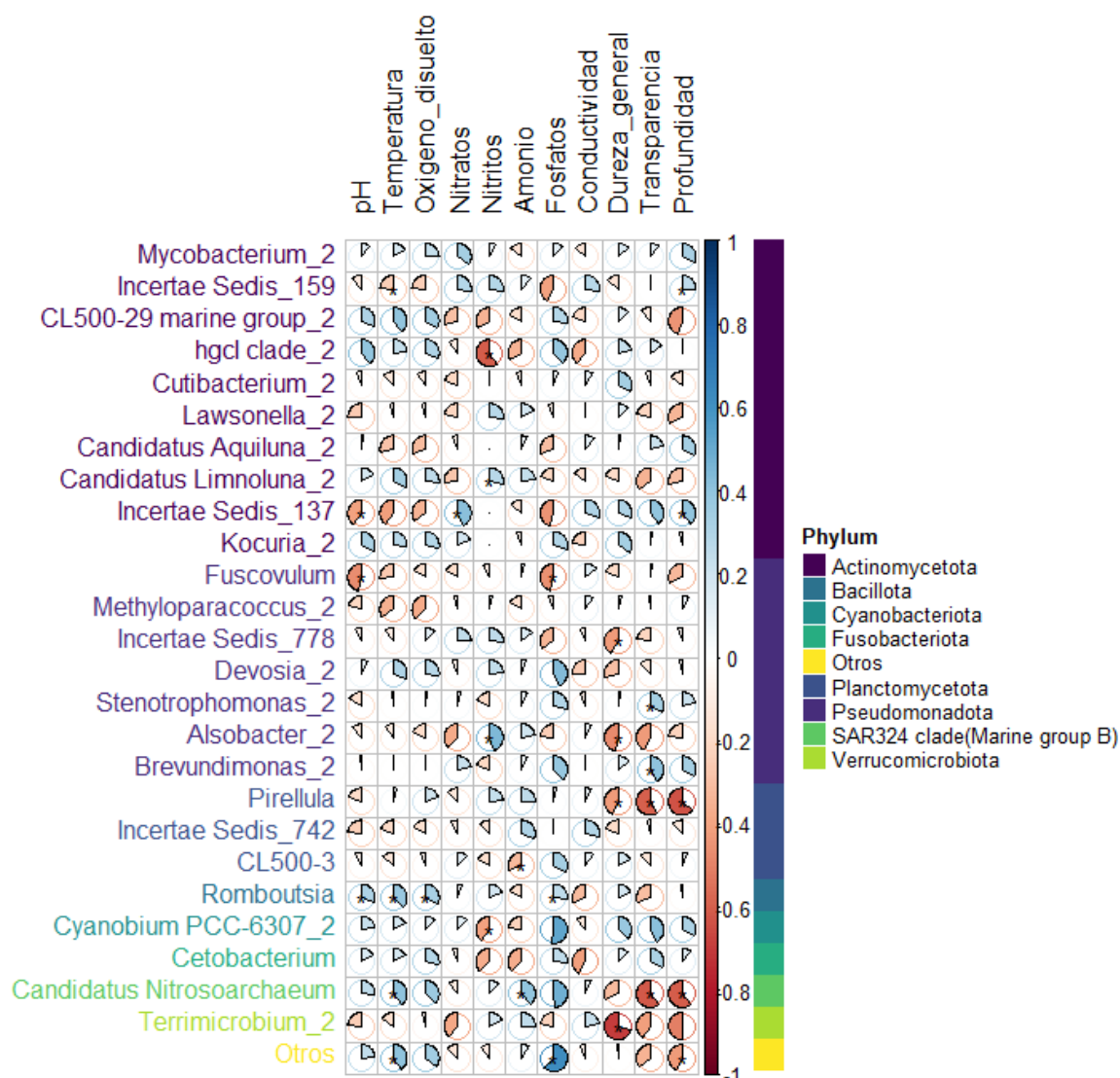


Figura 25. Matriz de correlación entre los principales géneros bacterianos y las variables fisicoquímicas registradas en los sitios de muestreo. * señala las correlaciones estadísticamente significativas ($p < 0.05$).

6.4. Diversidad identificada mediante el análisis metagenómico del gen 18S rDNA

Se obtuvo un total de 5,147 ASVs, de los cuales se conservaron 3,839 después de eliminar 1,308 secuencias quiméricas. Del conjunto restante, el 78.04 % (2,996 ASVs) no pudo ser clasificado taxonómicamente; debido a que este porcentaje superó el 50 %, dichas secuencias fueron excluidas del análisis, conservándose únicamente 843 ASVs (21.96 % del total). Estos ASVs se registraron a 22 filos, cuyos representantes más abundantes se muestran en la Figura 26. De ellos, 458 ASVs correspondieron a cuatro filos asociados al fitoplancton, destacando Chlorophyta y Ochrophyta como los más representativos, con 235 y 171 ASVs respectivamente (Anexos: Tabla 6).

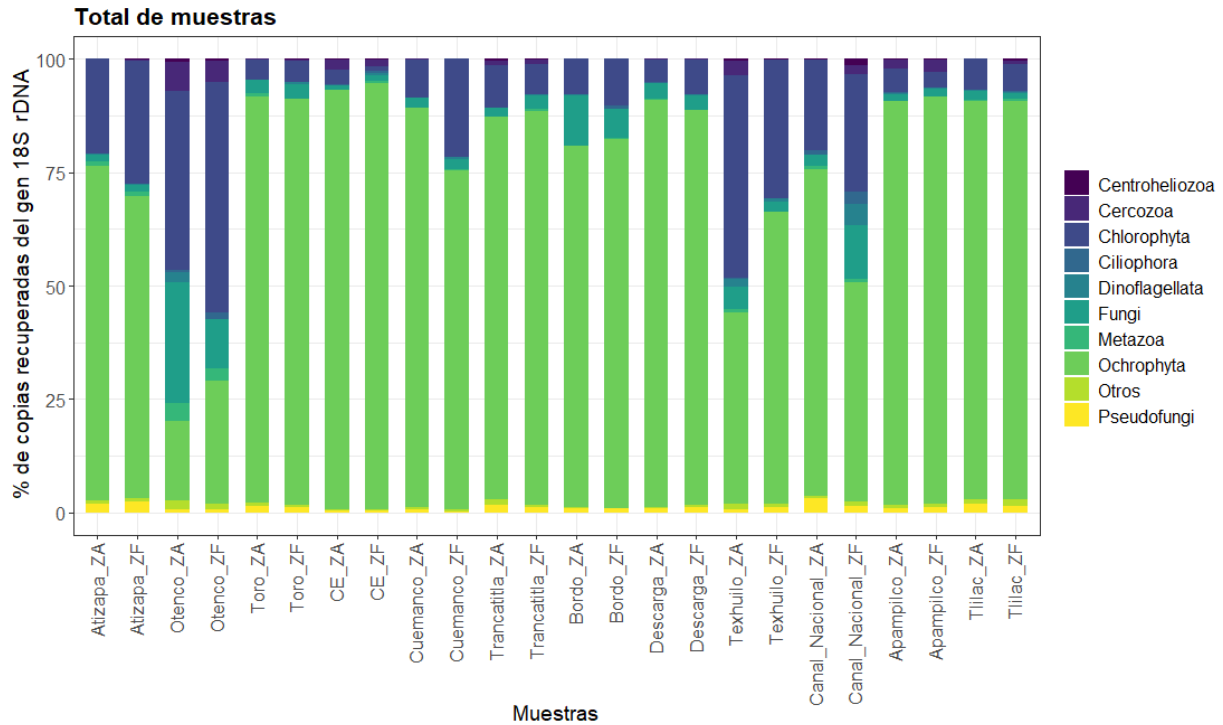


Figura 26. Abundancia relativa por muestra de los principales filos eucarióticos. Otros = Filos con menos del 1% de las cuentas

La Figura 27 muestra la abundancia relativa de los filos fitoplanctónicos más representativos, destacando Ochrophyta como el más abundante tanto en las muestras de la zona fótica (80.50 %) como en las de la zona afótica (81.50 %) (Figuras 28, 29 y 30).

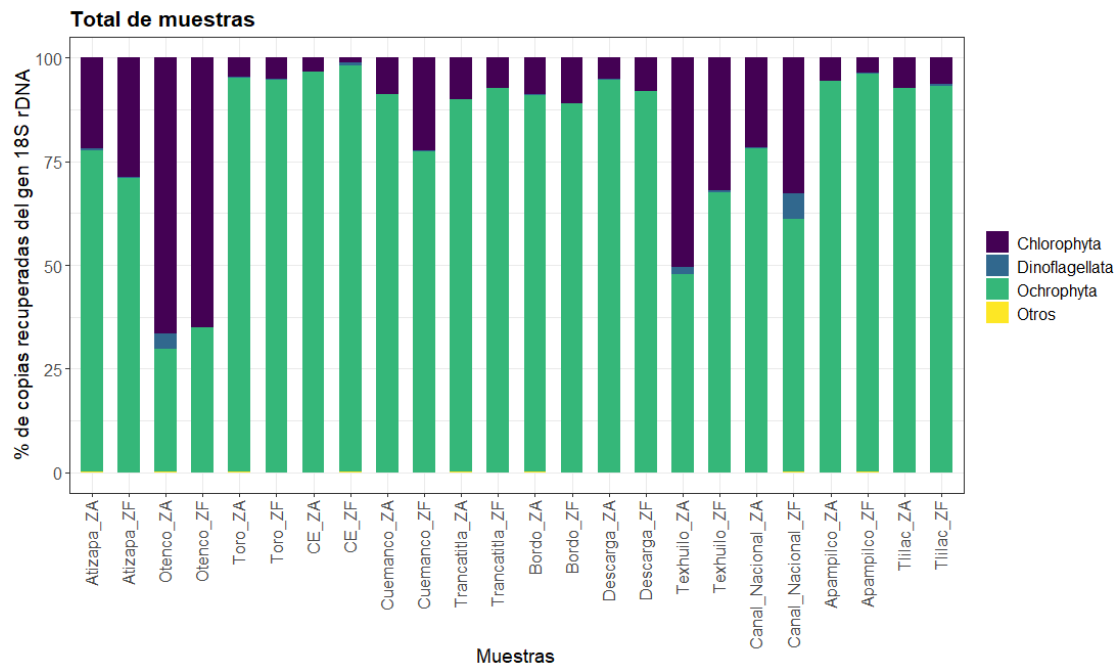


Figura 27. Abundancia relativa por muestra de los principales filos fitoplanctónicos. Otros = Filos con menos del 1% de las cuentas

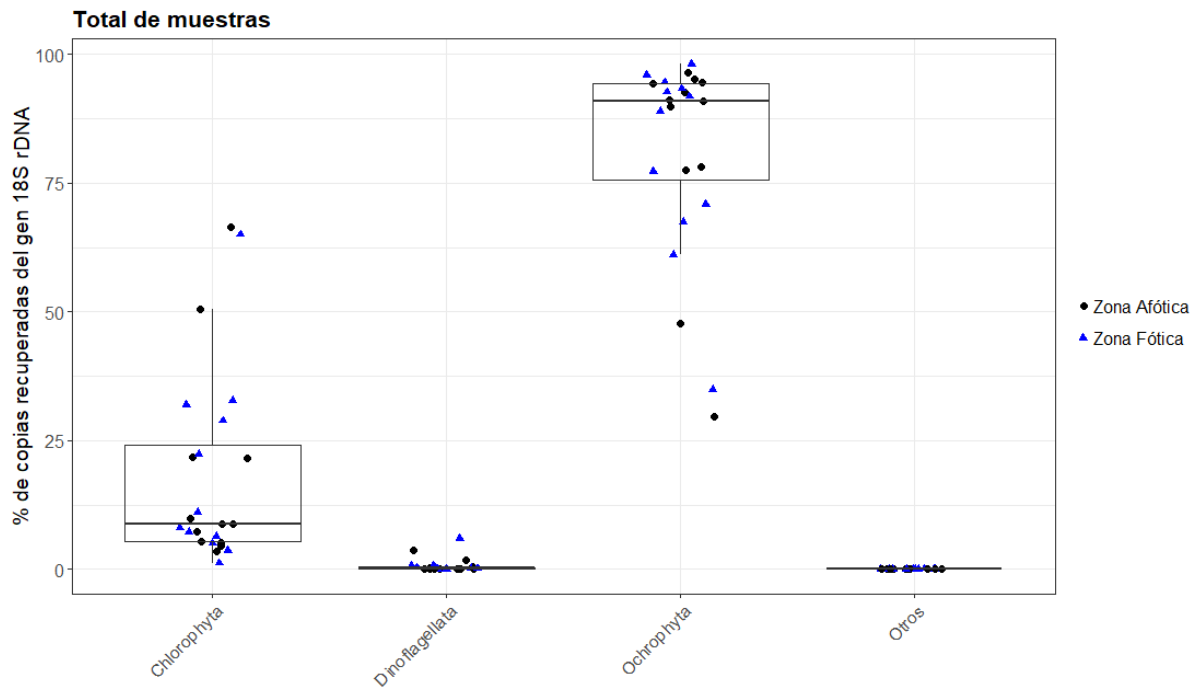


Figura 28. Distribución del porcentaje de copias del gen 18S rDNA de los principales filos fitoplanctónicos en ambos tipos de muestra (zona fótica y afótica).

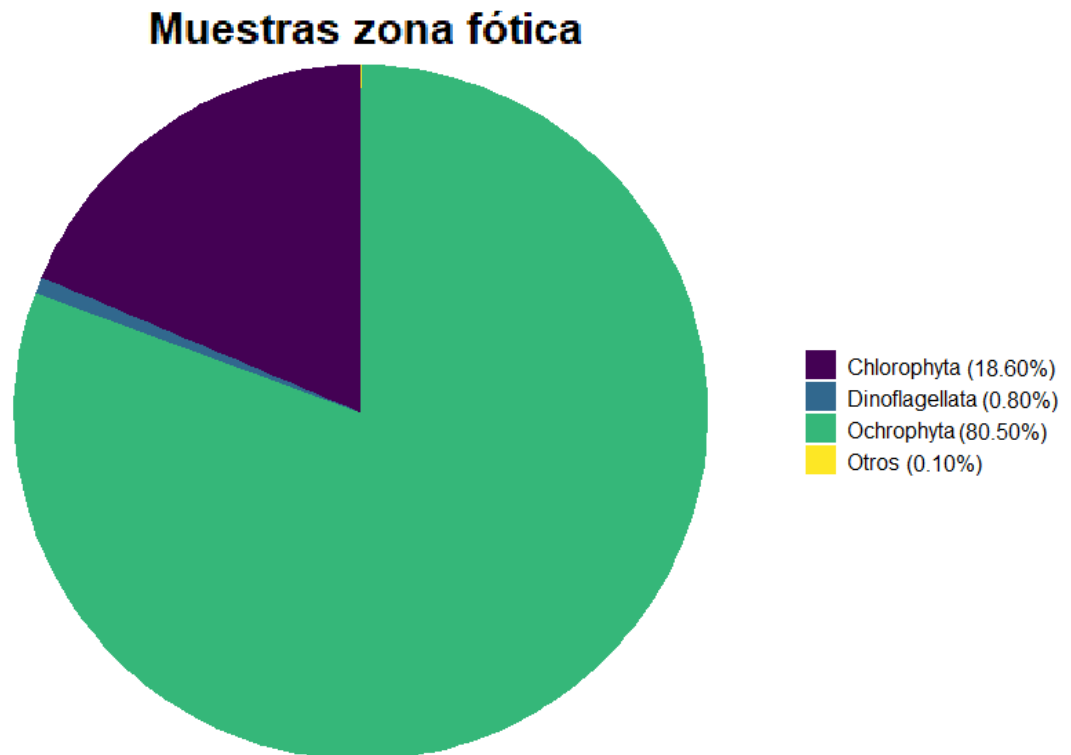


Figura 29. Porcentaje de secuencias asignadas de los principales filos fitoplanctónicos en las muestras de la zona fótica.

Muestras zona afótica

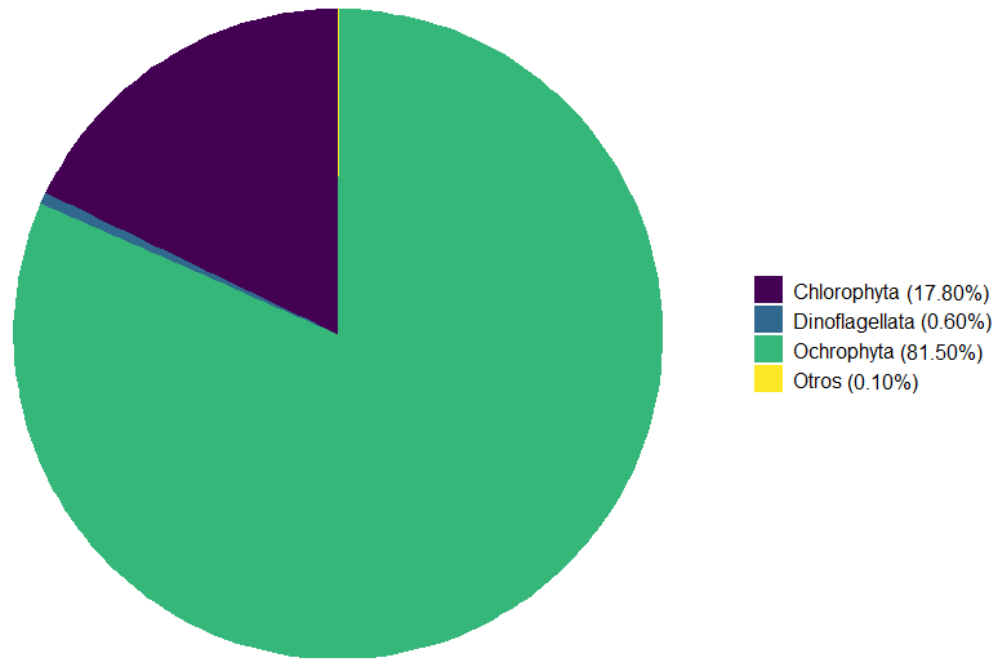


Figura 30. Porcentaje de secuencias asignadas de los principales filos fitoplanctónicos en las muestras de la zona afótica.

A nivel de familia, se registró un total de 23 familias fitoplanctónicas (Anexos: Tabla 7), de las cuales las más representativas se muestran en la Figura 31.

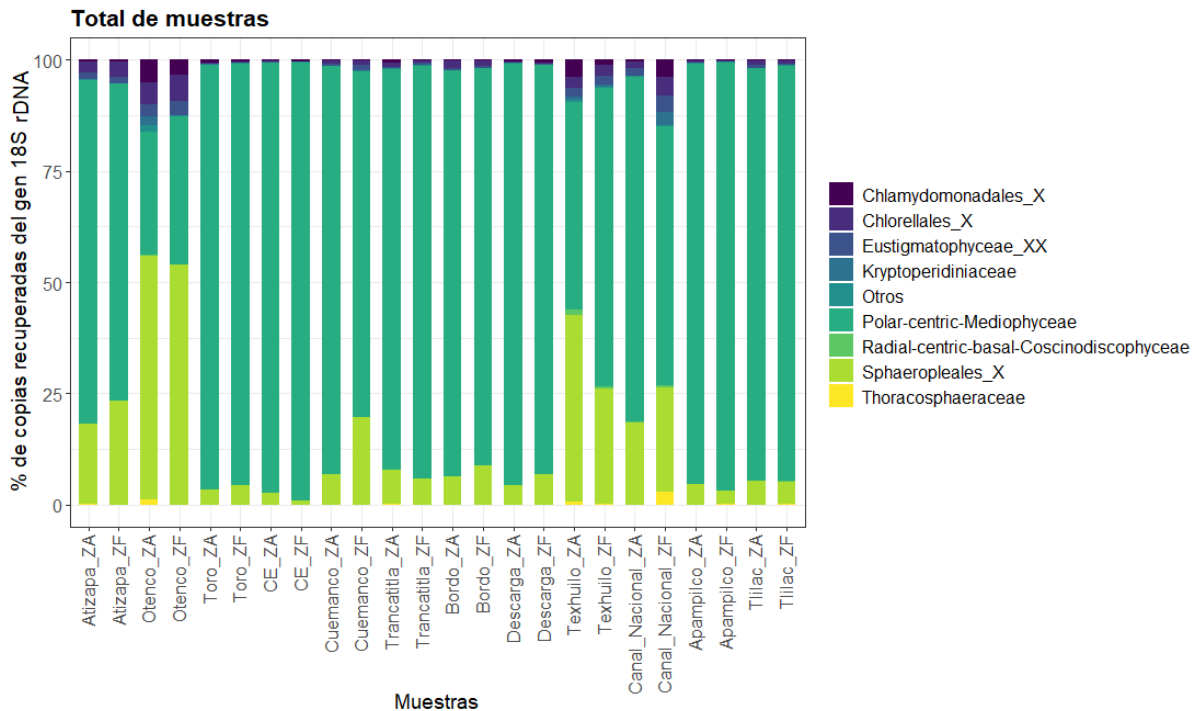


Figura 31. Abundancia relativa por muestra de las principales familias fitoplanctónicas. Otros = Filos con menos del 1% de las cuentas

Las familias con el mayor número de ASVs fueron *Sphaeropleales_X* y *Mediophyceae*, con 127 ASVs (27.72%) y 122 ASVs (26.64%), respectivamente (Anexos: Tabla 7). En términos de abundancia, la familia *Mediophyceae* predominó en ambos tipos de muestras, alcanzando un 80.40% en las de la zona fótica y un 81.40% en las de la zona afótica (Figuras 32, 33 y 34).

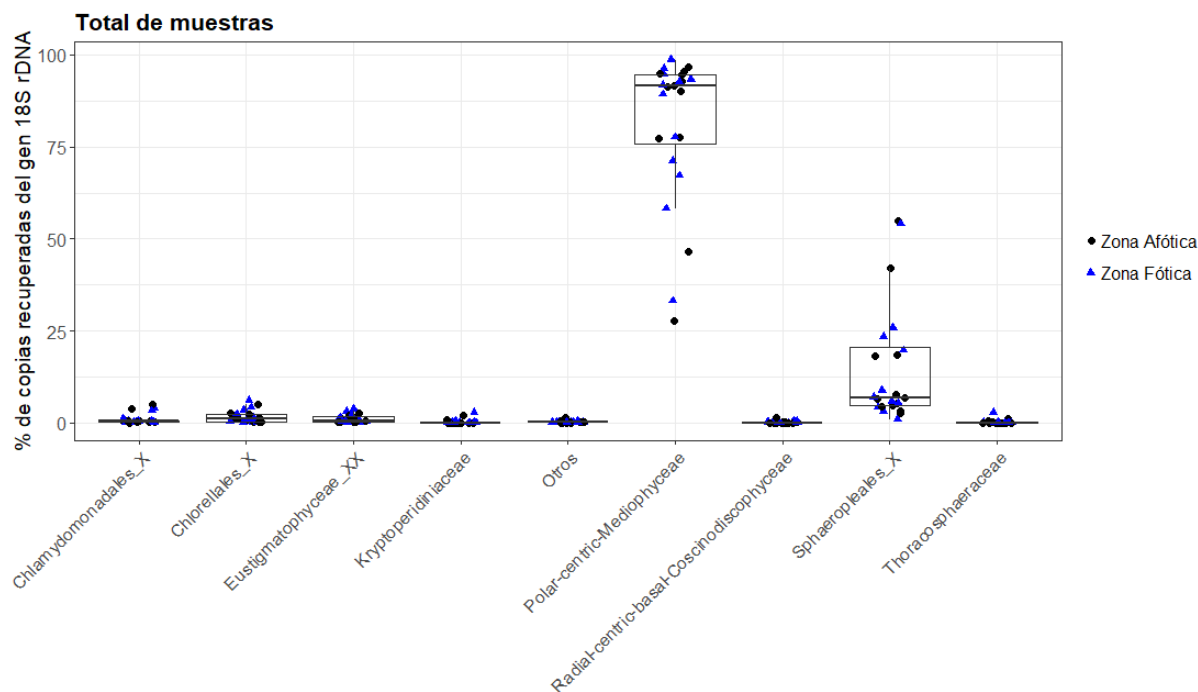


Figura 32. Distribución del porcentaje de copias del gen 18S rDNA de las principales familias fitoplanctónicas en ambos tipos de muestra (zona fótica y afótica).

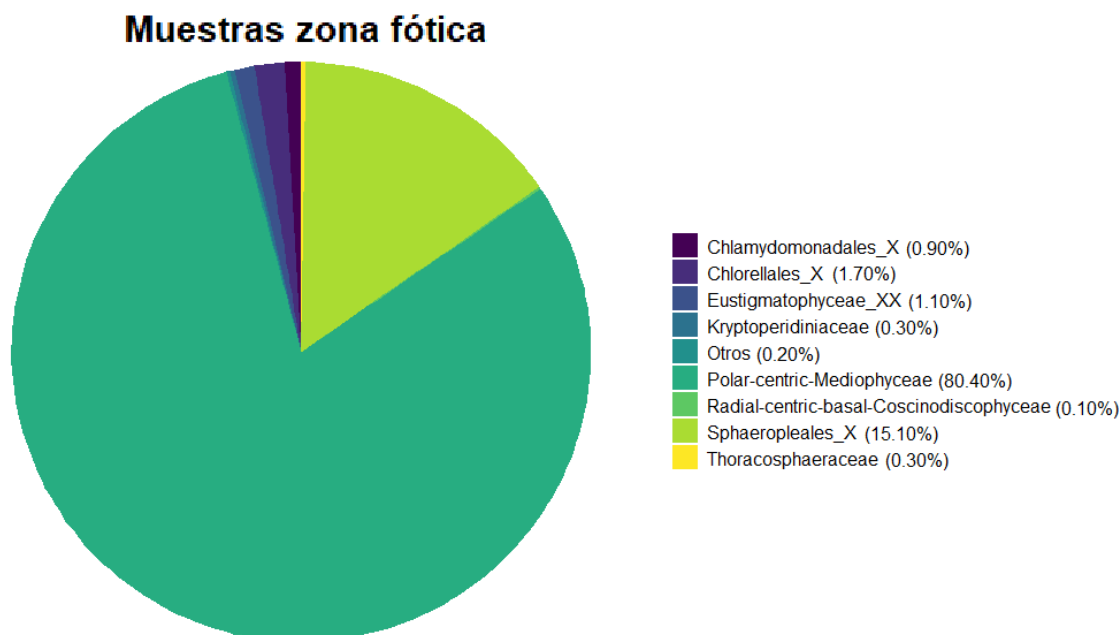


Figura 33. Porcentaje de secuencias asignadas de las principales familias fitoplanctónicas en las muestras de la zona fótica.

Muestras zona afótica

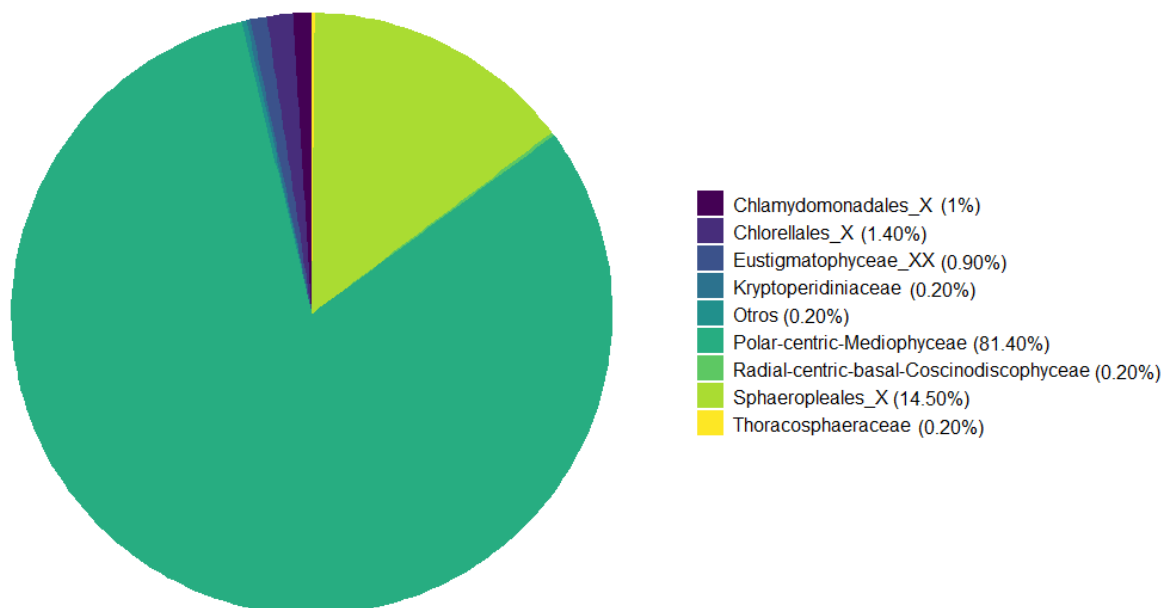


Figura 34. Porcentaje de secuencias asignadas de las principales familias fitoplanctónicas en las muestras de la zona afótica.

Respecto a los géneros, se registraron 35 (Anexos: Tabla 8), siendo los más representativos los mostrados en la figura 35.

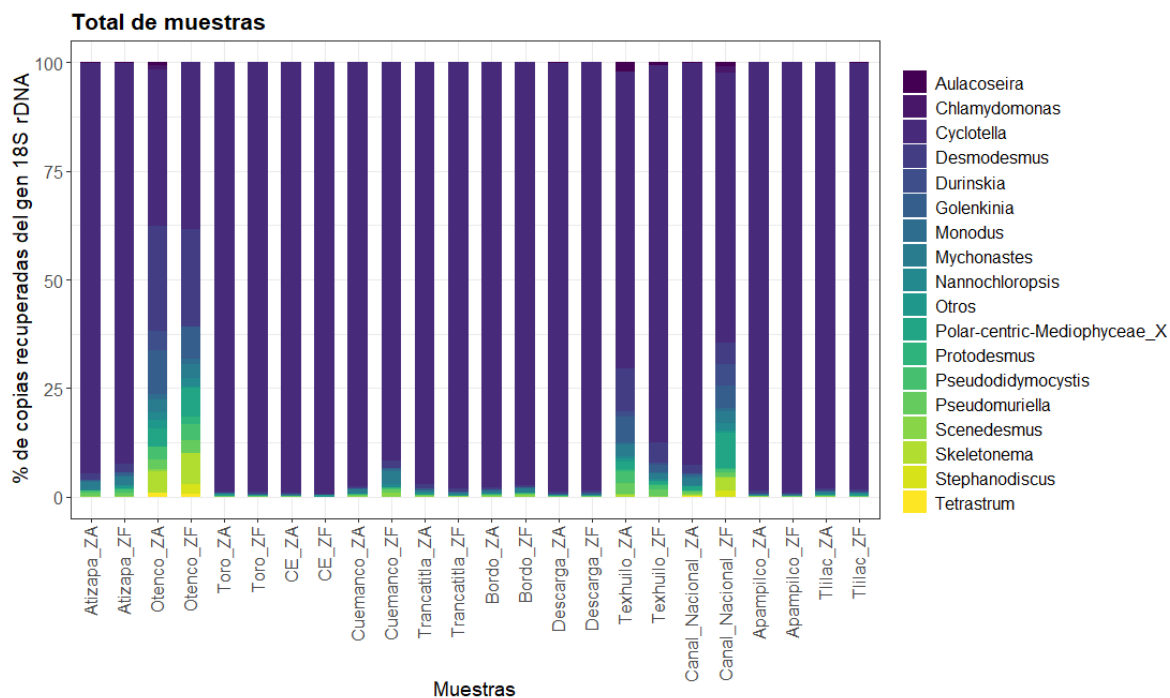


Figura 35. Abundancia relativa por muestra de los principales géneros fitoplanctónicos. Otros = Filos con menos del 1% de las cuentas

El género con el mayor número de ASVs fue *Cyclotella* con 82 ASVs que representan el 17.90% del total (Anexos: Tabla 8). De igual forma, *Cyclotella* fue el género con mayor abundancia en las muestras, mostrando una clara dominancia presentando un 88.40% del total de las secuencias de las muestras de la zona fótica y un 89.80% de las de la zona afótica (Figura 37, 38 y 39).

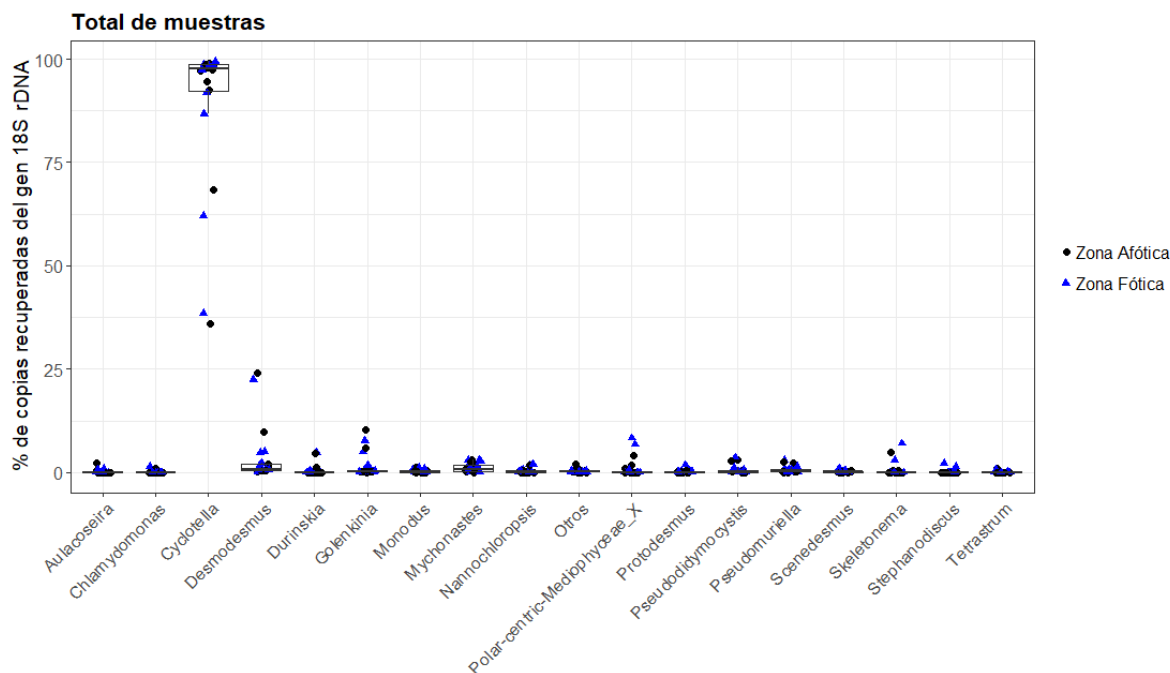


Figura 36. Distribución del porcentaje de copias del gen 18S rDNA de los principales géneros fitoplanctónicos en ambos tipos de muestra (zona fótica y afótica).

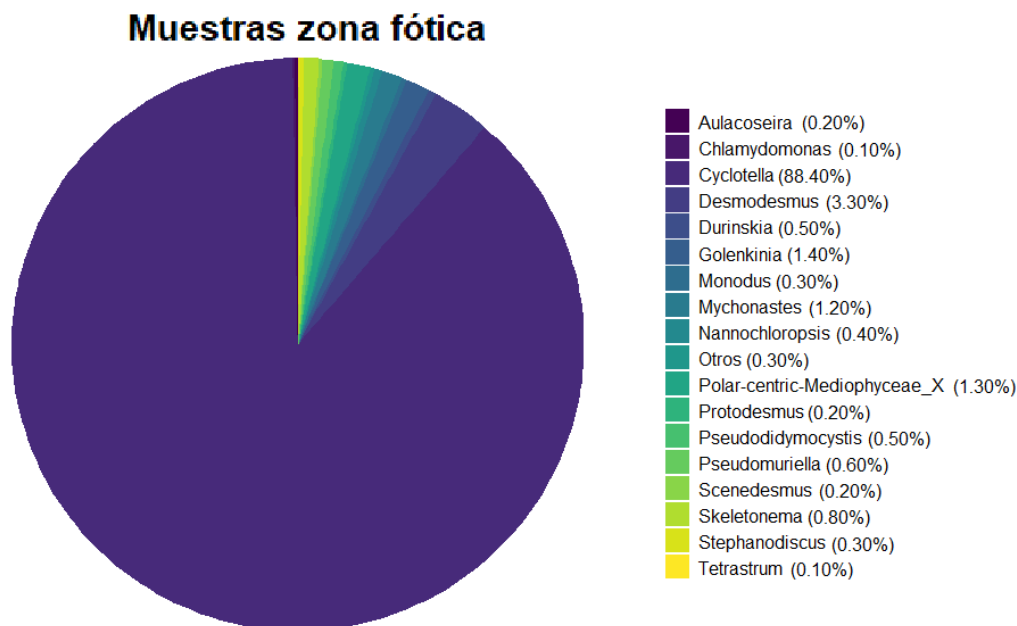


Figura 37. Porcentaje de secuencias asignadas de los principales géneros fitoplanctónicos en las muestras de la zona fótica.

Muestras zona afótica

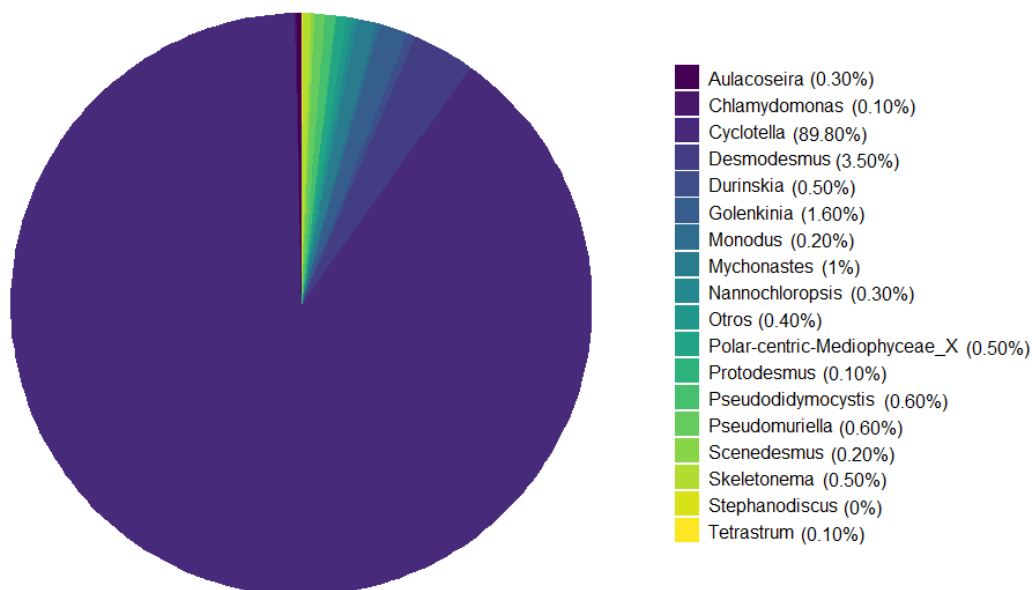


Figura 38. Porcentaje de secuencias asignadas de los principales géneros fitoplanctónicos en las muestras de la zona afótica.

Los sitios con mayor diversidad alfa, según los índices de Shannon y Simpson, fueron Cuernanco y Texhuilo, los cuales registraron los valores más altos. Por el contrario, los sitios CE y Descarga presentaron los valores más bajos, lo que indica una estructura comunitaria menos diversa (Figura 39).

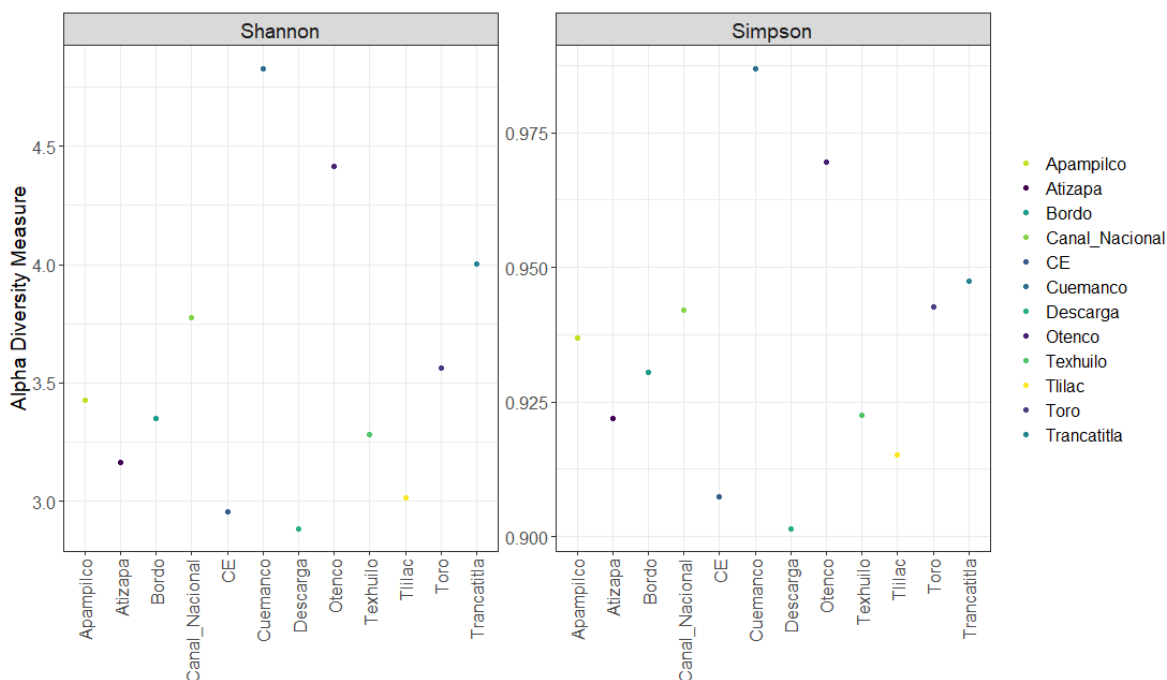


Figura 39. Diversidad alfa promedio, de las comunidades fitoplanctónicas, por sitio de muestreo calculada mediante los índices de Shannon y Simpson.

Comparando la diversidad alfa entre las zonas fótica y afótica, se observa que en la mayoría de los sitios las diferencias fueron mínimas, a excepción de Atizapa que presentó una diferencia notoria entre la diversidad de la zona fótica y la afótica, siendo la primera más diversa (Figura 40).

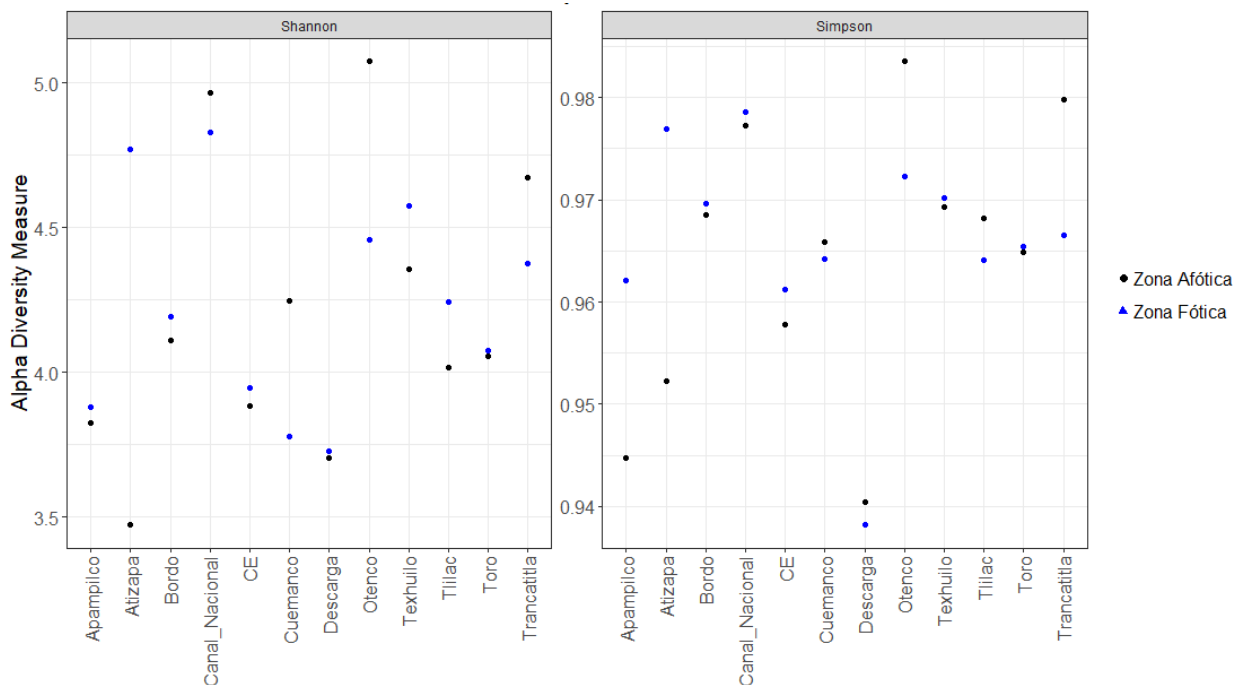


Figura 40. Diversidad alfa, de las comunidades fitoplanctónicas, por sitio y profundidad (zona fótica y afótica) usando los índices de Shannon y Simpson.

6.5. Influencia de los parámetros fisicoquímicos sobre la comunidad del fitoplancton

Al igual que las comunidades bacterioplanctónicas, no se observó una separación entre las comunidades de la zona fótica y afótica en el PCoA (Figura 41). El resultado de la PERMANOVA ($p = 0.968$) indicó que no hay diferencia significativa en la composición de comunidades entre ambas zonas. En cambio, el PCoA por grupo ambiental (Figura 42) mostró una mejor separación de las comunidades biológicas. La prueba PERMANOVA obtuvo un valor de $p = 0.001$, evidenciando diferencias estadísticamente significativas en la composición entre los distintos grupos.

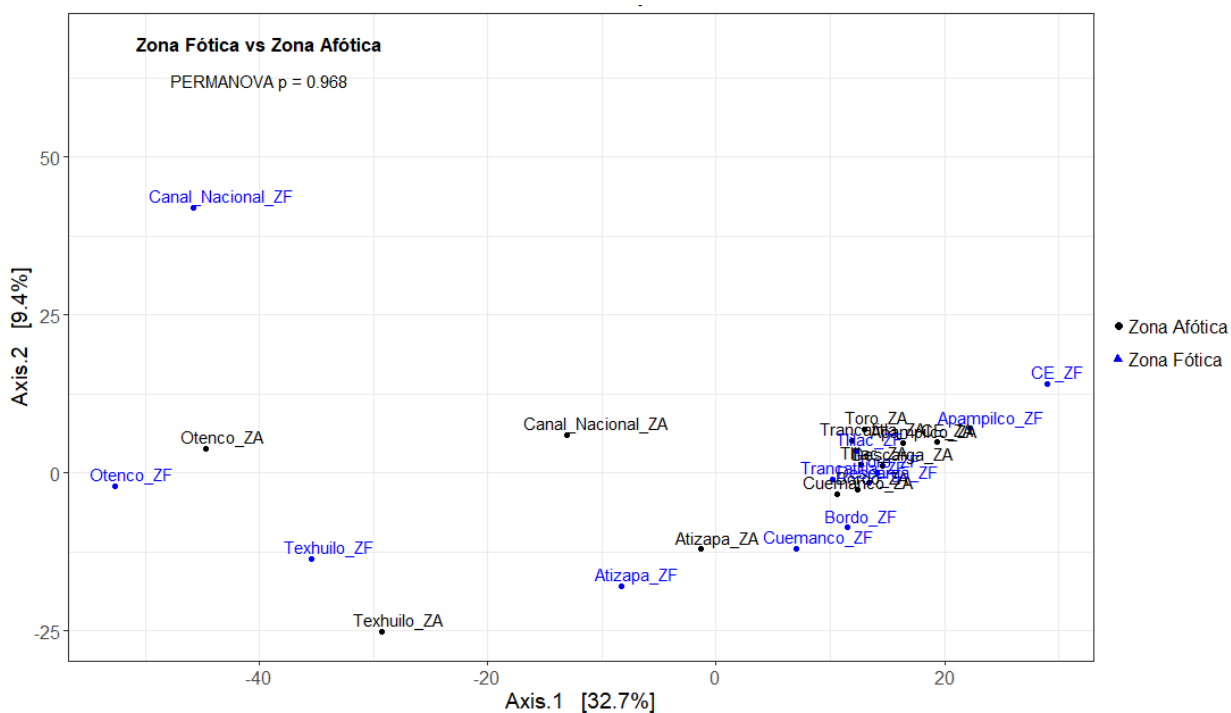


Figura 41. PCoA basado en la distancia euclidiana entre las comunidades fitoplanctónicas agrupado por profundidad.

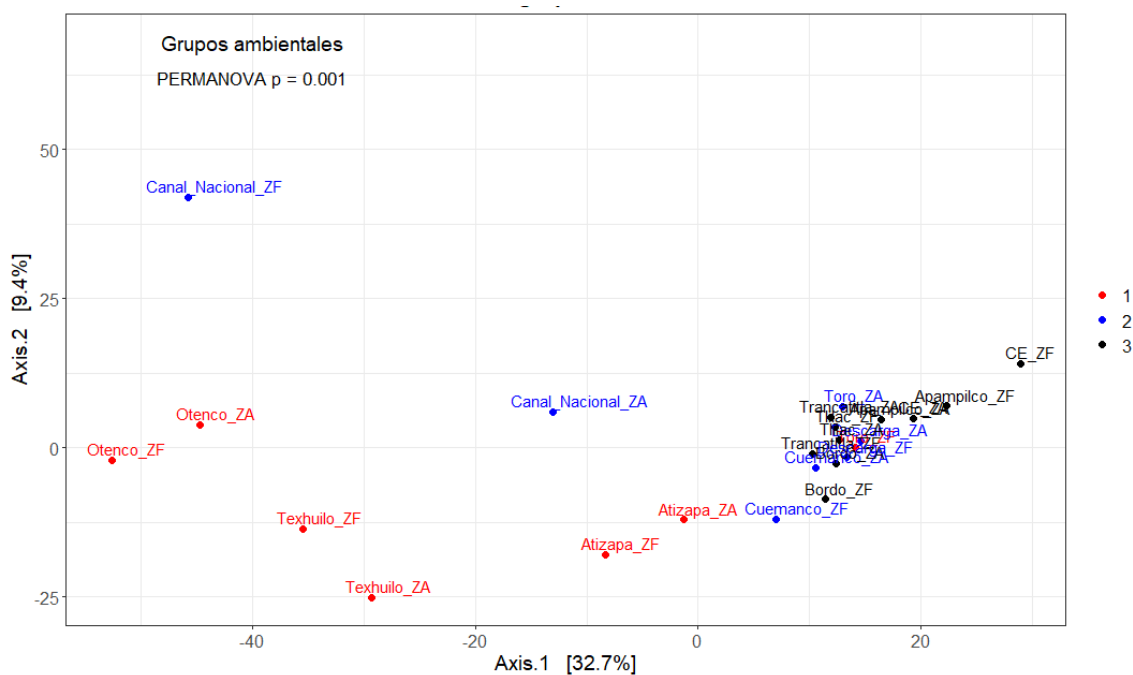


Figura 42. PCoA basado en la distancia euclidiana entre las comunidades fitoplanctónicas agrupado por grupo ambiental.

En relación con la estructura de las comunidades y su asociación con las variables ambientales, se observa en la Figura 43 que los factores con mayor influencia sobre la composición de las comunidades fitoplanctónicas fueron los nitritos, los fosfatos,

el pH y la conductividad, aunque esta última no presentó una influencia estadísticamente significativa. En contraste, variables como la profundidad y la dureza general evidenciaron una contribución menor o nula en la diferenciación de las comunidades. En la Figura 44 se muestra en específico cómo se relaciona cada variable ambiental con los géneros fitoplanctónicos más representativos.

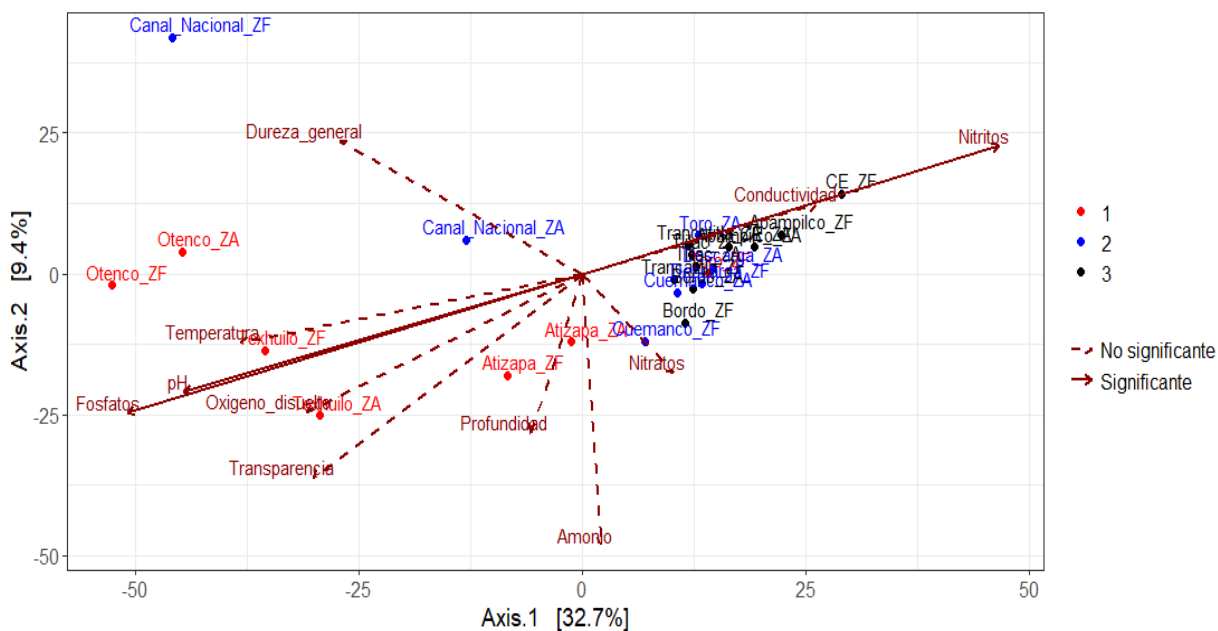


Figura 43. PCoA basado en la distancia euclidiana entre las comunidades fitoplanctónicas agrupado por grupo ambiental e influencia de las variables fisicoquímicas en la composición de la comunidad.

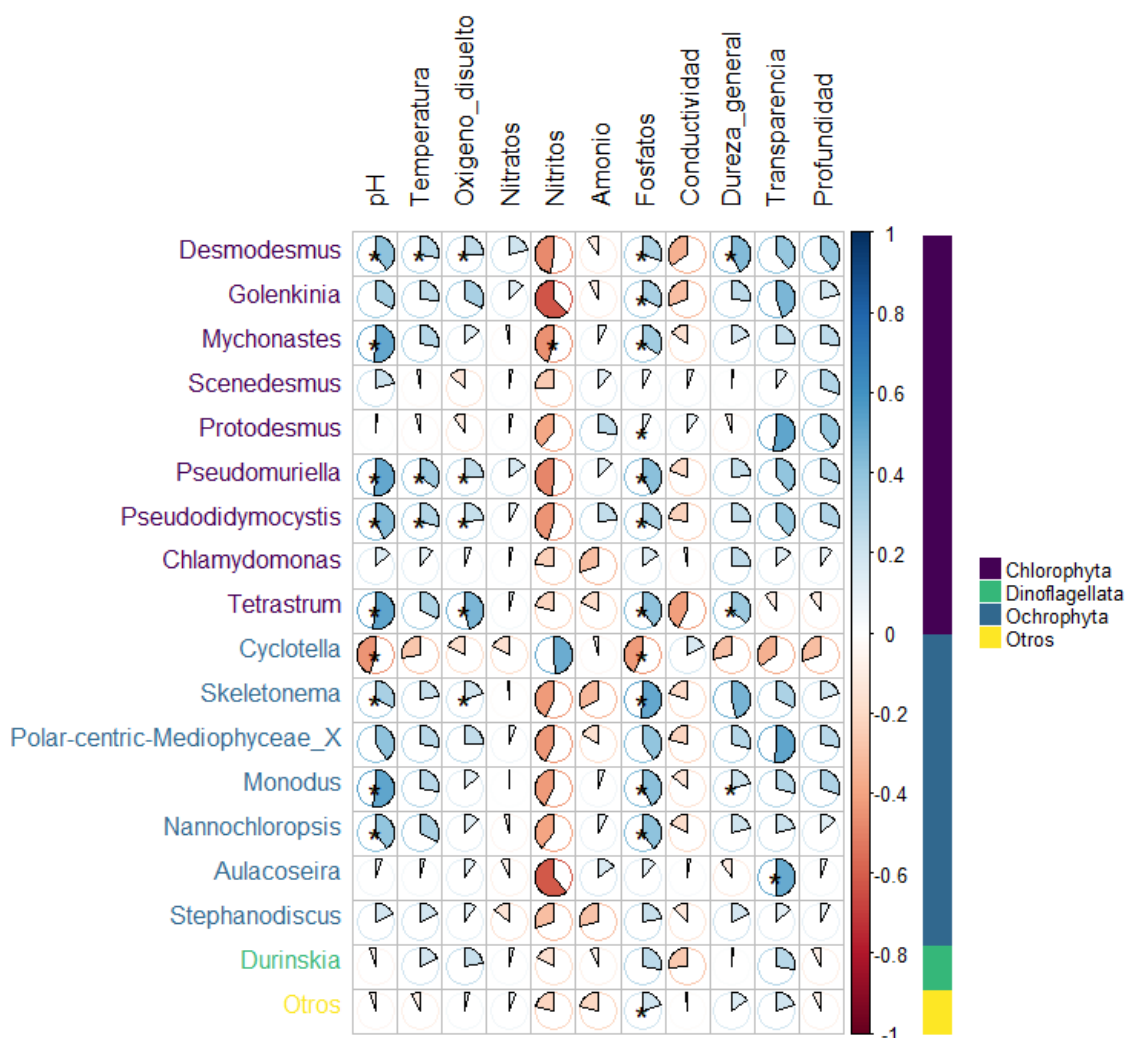


Figura 44. Matriz de correlación entre los principales géneros fitoplanctónicos y las variables fisicoquímicas registradas. * señala las correlaciones estadísticamente significativas ($p < 0.05$).

7. Discusión

7.1. Parámetros fisicoquímicos

La variación fisicoquímica de los sitios de muestreo, de acuerdo con González-Guadarrama et al. (2022), se debe principalmente al tipo de actividades que se llevan a cabo en la zona, como el turismo y la actividad agrícola.

El pH alcalino registrado ($8.15 \pm 0.02 - 9.25 \pm 0.07$) puede estar relacionado con la elevada actividad del fitoplancton (Quiroz-Flores et al., 2008). Tal como lo explica Ramos (2023), a través de la fotosíntesis estos organismos incrementan las concentraciones de oxígeno disuelto en la columna de agua y reducen los niveles de dióxido de carbono (CO_2). Esta disminución de CO_2 limita la formación de iones hidrógeno, responsables de la disminución del pH. Lo anterior coincide con los altos valores de oxígeno disuelto observados en los sitios con pH más elevado y mayor

diversidad fitoplanctónica, particularmente en el sitio Otenco, que presentó el pH más alto, la mayor concentración de oxígeno disuelto y la mayor diversidad de fitoplancton.

En cuanto a la concentración de oxígeno disuelto, todos los valores registrados en los sitios de muestreo se ubicaron por encima del nivel mínimo establecido para considerar que el cuerpo de agua se encuentra en buen estado y puede sustentar adecuadamente la vida acuática, según los Criterios Ecológicos de Calidad del Agua CE-CCA-001/89 (SEDUE, 1989) y Banerjee et al. (2019). Asimismo, las concentraciones elevadas de oxígeno disuelto (>10 mg/L) coinciden con lo reportado por Nandini et al. (2015) para la misma época del año, siendo la época en la que se registran las concentraciones más elevadas de oxígeno disuelto. Por otra parte, la conductividad medida fue baja ($803.3 \pm 7.77 - 927 \pm 17.49$ $\mu\text{S/cm}$), lo que concuerda con lo esperado para cuerpos de agua dulce, como también señalan Nandini et al. (2015).

7.2. Principales géneros del bacterioplancton

Las bacterias del género *Mycobacterium*_2, que fue el género más abundante, son bacterias potencialmente patógenas que se encuentra de forma generalizada en ambientes acuáticos y en aguas residuales domésticas, tanto tratadas como sin tratar (Slany et al., 2010; Aoki et al., 2024). Según Aoki et al. (2024), el estilo de vida aeróbico de diversos aislados de *Mycobacterium* sugiere que estas bacterias podrían desarrollarse con mayor facilidad en sitios donde las concentraciones de oxígeno disuelto son elevadas, como ocurre en la mayoría de los sitios muestreados en este estudio. Sin embargo, en los resultados obtenidos no se identificó una relación directa entre la abundancia de este género y los niveles de oxígeno disuelto (Figura 43).

De acuerdo con Wang et al. (2024), ciertos clados bacterianos, como el clado *hgcI* y el grupo marino *CL500-29*, se han identificado como posibles indicadores de eutrofización en ecosistemas acuáticos, mostrando correlaciones positivas y significativas con la carga de nitrógeno y fósforo. En este estudio, estos mismos grupos estuvieron presentes en los sitios estudiados, lo que coincide con antecedentes que reportan procesos de eutrofización en el área. No obstante, la única correlación significativa observada fue negativa con la concentración de nitritos (Figura 43), lo que puede sugerir que la relación de estos bioindicadores con los nutrientes puede variar según las condiciones locales y otros factores ambientales.

En cuanto a la presencia de *Incertae sedis* entre los géneros más abundantes, indica una diversidad microbiana aún no caracterizada completamente en el ecosistema. A pesar de la falta de una asignación precisa, estos grupos probablemente desempeñan roles ecológicos relevantes, por lo que futuras investigaciones deberían enfocarse en su aislamiento y estudio funcional para esclarecer su contribución a los procesos biogeoquímicos del sistema.

7.3. Géneros asociados a ciclos biogeoquímicos

Según lo reportado por Wang et al. (2025), los géneros *Candidatus Nitrosoarchaeum* y *Nitrosomonas_2*, identificados en este estudio, desempeñan un papel clave en la nitrificación, particularmente en la oxidación de amonio (NH_4^+) a nitrito (NO_2^-). Asimismo, investigaciones previas han evidenciado que *Candidatus Nitrosoarchaeum* puede participar también en procesos de desnitrificación. Por ejemplo, Han et al. (2022) reportaron que este género, al poseer el gen AnirK, contribuye a la reducción de nitrito y a la producción de óxido nitroso (N_2O) en diversos ecosistemas. De manera similar, se ha documentado que algunas especies del género *Alsobacter_2*, también registrado en este estudio, presentan capacidades tanto desnitrificantes como nitrificantes, según lo señalado por Deng et al. (2023).

Otro género asociado al ciclo biogeoquímico del nitrógeno es *Devosia_2*. Según Qiu et al. (2025) y Vanparys et al. (2005), algunas especies de este género presentan un potencial tanto para la reducción de nitrito como para la fijación de nitrógeno.

De los géneros identificados, y de acuerdo con lo descrito por Kallistova et al. (2024) y Dedysh et al. (2007), *Methyloparacoccus_2* y *Methylocystis_2* corresponden a microorganismos metanotróficos, cuya función en el ecosistema es la oxidación del metano. En contraste, los géneros *Methanothrix* y *Methanolinea* participan de manera activa en la metanogénesis, contribuyendo a la producción de metano dentro del ciclo biogeoquímico.

Con base en lo descrito por Knief (2015), los géneros metanotrófos presentan patrones de distribución específicos del hábitat, mayormente en ambientes con bajo oxígeno, y en particular *Methyloparacoccus* se ha señalado como un género preferentemente asociado a sedimentos. Esta afinidad ambiental coincide con lo observado en este estudio, donde *Methyloparacoccus* se detectó exclusivamente en la zona afótica, la región de la columna de agua más cercana a los sedimentos y con las concentraciones más bajas de oxígeno disuelto, mientras que no fue detectado en la zona fótica (Figuras 18 y 19).

Los géneros *Fusibacter*, *Sulfurovum* y *Thiothrix_2* se han vinculado al ciclo del azufre en diversos estudios. Chernyh et al. (2024) describen a los miembros de *Fusibacter* como organismos estrictamente anaerobios asociados a sedimentos, responsables de la reducción de compuestos azufrados. En contraste, Selak et al. (2022) señalan que *Sulfurovum* participa principalmente en la oxidación del azufre. Asimismo, Sharrar et al. (2017) identificaron en *Thiothrix_2* genes relacionados con procesos de oxidación del azufre, lo que respalda su participación en esta fase del ciclo biogeoquímico.

7.4. Cianobacterias

En el presente estudio se identificaron cuatro géneros de cianobacterias: *Cyanobium PCC-6307_2*, reconocido por su capacidad de realizar fotosíntesis oxigénica y fijar N_2 (Komárek, 2003; Kwon et al., 2021), *Microcystis PCC-7914*,

Planktothrix NIVA-CYA 15 y *Synechocystis* PCC-6803, géneros conocidos por su potencial para producir cianotoxinas y generar florecimientos algales nocivos (Li et al., 2021; Brown et al., 2026; Saleem et al., 2024).

La presencia de *Cyanobium* coincide parcialmente con registros previos en la zona, ya que Tavera y Díez (2009), mediante el método molecular DGGE (Denaturing Gradient Gel Electrophoresis), reportaron a *Cyanobium* como la cianobacteria más abundante, al igual que en el presente estudio. En contraste, investigaciones posteriores que emplearon microscopía, como las de López-Mendoza et al. (2015) y Almanza Encarnación et al. (2023), no detectaron este género. Por otra parte, la detección de *Microcystis* y *Planktothrix* refuerza su persistencia temporal en la zona y subraya la importancia de mantener monitoreos continuos, dado que estos géneros también han sido registrados en estudios previos (Almanza-Encarnación et al., 2023; Figueroa-Torres et al., 2015). En contraste, *Synechocystis* no cuenta con antecedentes documentados en la zona.

7.5. Diversidad fitoplanctónica

Los filos registrados en este estudio han sido reportados previamente en la zona por Almanza-Encarnación et al. (2023) mediante microscopía. Además, identificaron un filo adicional no observado en la presente investigación (Euglenozoa). De igual manera y coincidiendo con los resultados obtenidos, en su estudio el filo con mayor diversidad fue Ochrophyta. Sin embargo, ellos documentaron 24 géneros, mientras que en este trabajo se registraron 18, coincidiendo únicamente en los géneros *Aulacoseira* y *Cryptomonas*. Por el contrario, Figueroa-Torres et al. (2015) reportaron a Chlorophyta como el filo más diverso en su estudio.

En general, de los 122 géneros reportados por Figueroa-Torres et al. (2015) en los canales de Xochimilco, solo coincidieron 18 de los 35 registrados en el presente estudio. De los restantes, dos géneros (*Durinskia* y *Stephanodiscus*) fueron reportados en las investigaciones de López-Mendoza et al. (2015) y Ortega-Guerrero et al. (2022), mientras que el resto no cuenta con registros previos en la zona (Anexos: Tabla 8).

Al igual que en el presente estudio, *Cyclotella* fue el género con mayor abundancia en la investigación realizada por López-Mendoza et al. (2015). Asimismo, este género ha sido previamente reportado como uno de los más abundantes y frecuentes en los canales de Xochimilco por Figueroa-Torres et al. (2015).

El bajo número de taxones registrados en este estudio, en comparación con investigaciones previas, más que interpretarse como una limitación o ineficiencia del método utilizado, refleja lo poco explorada que está la zona lacustre de Xochimilco a nivel molecular, evidenciando que muchos grupos de microalgas aún no han sido muestreados ni caracterizados genéticamente en esta región. Esto subraya la importancia de continuar con estudios moleculares para ampliar el conocimiento de la diversidad algal local y mejorar la comprensión de la estructura y dinámica del fitoplancton en estos canales.

7.6. Géneros fitoplanctónicos asociados a florecimientos algales nocivos

De los géneros registrados en el estudio, *Skeletonema*, *Chaetoceros*, *Gyrodinium*, *Prorocentrum* y *Heterocapsa* han sido previamente reportados como formadores de florecimientos algales (Gárate-Lizárraga et al., 2016). Aunque la mayoría de ellos suelen asociarse a proliferaciones de carácter no tóxico, su presencia en el ecosistema los convierte en indicadores ecológicos relevantes.

Entre estos géneros, *Prorocentrum* es el que presenta mayor importancia, ya que incluye especies capaces de producir toxinas como ácido okadaico, venerupina y otros compuestos de acción rápida asociados al envenenamiento diarreico por mariscos, además de sustancias alelopáticas (Gárate-Lizárraga et al., 2016; Alonso-Ferrel et al., 2014). No obstante, dentro del mismo género también se han descrito especies que generan florecimientos inocuos, lo que hace necesario distinguir entre su simple presencia y su potencial toxigénico.

Aunque en la zona de estudio no se han registrado florecimientos asociados a estos géneros, su detección en las muestras analizadas evidencia que las condiciones ambientales locales pueden sostener poblaciones de organismos reconocidos como precursores de eventos de proliferación. Esto resalta la importancia de mantener programas de monitoreo continuos, particularmente ante escenarios de cambio climático e incremento en descargas de nutrientes que pueden favorecer el desarrollo de florecimientos.

7.7. Influencia de las variables en la estructura de las comunidades fitoplanctónicas y bacterioplanctónicas.

En el estudio se observó como la estructura de las comunidades microbianas estuvo más fuertemente determinada por el gradiente ambiental que por la estratificación vertical de la columna de agua. Esta falta de estratificación responde a las propias características del sistema, ya que los canales presentan baja profundidad y una mezcla constante de la columna de agua generada por el tránsito continuo de trajineras, actividad ligada al turismo local. Indicando que en los canales de Xochimilco son las condiciones ambientales horizontales, más que la variación vertical, las que estructuran la comunidad microbiana.

En general, las variables que más influyeron en la estructura de las comunidades fitoplanctónicas y bacterioplanctónicas fue el pH y la concentración de nutrientes, en particular nitritos y fosfatos. Esto concuerda con lo reportado por Khan et al. (2025) y Du et al. (2023) quienes señalan que la composición de las comunidades de fitoplancton y bacterioplancton depende en gran medida de diversos elementos químicos, destacando el fósforo y el nitrógeno como particularmente fundamentales en la estructuración de las comunidades microbianas. Esto se refuerza al observar que los principales géneros de fitoplancton en este estudio presentan relaciones positivas y significativas con la concentración de fosfatos (Figura 44), lo que evidencia la importancia de este nutriente en la estructuración de la comunidad.

En cuanto al nitrito, los principales géneros del fitoplancton mostraron relaciones significativas pero negativas, lo cual resulta contraintuitivo considerando que esta es una de las formas nitrogenadas más accesibles para el crecimiento fitoplanctónico (Khan et al., 2025; Su et al., 2026). *Cyclotella* fue el único género que presentó una correlación positiva con este nutriente, lo que podría sugerir, considerando además su clara dominancia, con más del 80 % de las secuencias registradas, una ventaja fisiológica o ecológica frente a fluctuaciones en la disponibilidad de nitrógeno. Esta capacidad para mantener una relación positiva con el nitrito podría indicar una mayor flexibilidad metabólica o eficiencia en su aprovechamiento bajo condiciones ambientales variables, lo que contribuiría a explicar el marcado predominio de *Cyclotella* en la comunidad.

En concordancia con lo señalado por Khan et al. (2025) los valores de pH influyen directamente en la disponibilidad de nutrientes y en la solubilidad de diversos compuestos, mientras que Palanivel et al. (2026) destaca que los ambientes con pH neutro a moderadamente alcalino favorecen la actividad biológica y el desarrollo de organismos fotosintéticos. Estos planteamientos coinciden con los resultados de este estudio, en los que se registraron valores alcalinos de pH, acompañados de correlaciones positivas y significativas entre la mayoría de los géneros fitoplanctónicos y esta variable. De este modo, el pH no solo funciona como un indicador del estado general del sistema, sino también como un factor ambiental determinante en la estructuración y composición del fitoplancton en los canales estudiados.

A diferencia de los géneros fitoplanctónicos, que muestran correlaciones más homogéneas con las variables ambientales, donde la mayoría responde de manera similar a cada variable, los géneros de bacterioplancton presentan patrones de correlación más diversos y específicos. Esto puede atribuirse a la gran variedad metabólica del bacterioplancton, que incluye organismos involucrados en ciclos del azufre, metano, nitrógeno, entre otros, cada uno con requerimientos y tolerancias distintas frente a las condiciones del agua, reflejando una respuesta heterogénea y funcionalmente diferenciada a nivel individual. Sin embargo, cuando se analiza la comunidad en su conjunto, los patrones generales muestran que el bacterioplancton, al igual que las comunidades fitoplanctónicas, se ve influenciado principalmente por el pH, los nitritos y los fosfatos, indicando que, pese a su diversidad metabólica, los factores ambientales clave estructuran la comunidad de manera similar.

8. Conclusión

En conclusión, la estructura microbiana de los canales de Xochimilco está determinada principalmente por variables ambientales específicas, especialmente el pH y las concentraciones de nitritos y fosfatos, más que por la estratificación vertical de la columna de agua.

La secuenciación masiva del gen 18S rDNA permitió caracterizar la comunidad fitoplanctónica con un mayor nivel de resolución, lo que permitió identificar 14 géneros no registrados previamente en la zona, aunque en general se estimó una diversidad menor en comparación con estudios previos basados en microscopía, lo

cual evidencia diferencias metodológicas y subraya la necesidad de combinar enfoques para una comprensión más completa del sistema

La detección de géneros asociados a procesos biogeoquímicos y a florecimientos algales nocivos subraya la importancia ecológica del sistema y la necesidad de establecer monitoreos continuos que permitan anticipar condiciones potencialmente riesgosas para la calidad del agua y la biodiversidad local. Además, el alto porcentaje de ASVs sin asignación taxonómica evidencia la presencia de microorganismos poco caracterizados o desconocidos, reflejando el limitado nivel de exploración molecular previo en la zona y destacando la necesidad de continuar investigando la diversidad microbiana de Xochimilco.

En conjunto, estos hallazgos confirman la utilidad de las técnicas moleculares para profundizar en la comprensión de la dinámica planctónica y resaltan la importancia de continuar estudios que permitan evaluar cómo las condiciones ambientales, las actividades humanas y los procesos ecológicos interactúan para moldear la biodiversidad en este humedal de relevancia internacional.

9. Referencias

- Almanza-Encarnación, S., Figueroa-Torres, M. G., Ferrara-Guerrero, M. J., Malpica-Sánchez, A. D. R., y Ángeles-Vázquez, J. R. (2023). Microalgas asociadas a un vertedero de la Planta de Tratamiento de Aguas Residuales Cerro de la Estrella, sobre un canal de Xochimilco, Ciudad de México. *Hidrobiológica*, 33(1), 73-86.
- Almanza-Encarnación, S., Figueroa-Torres, M. G., Ferrara-Guerrero, M. J., Malpica-Sánchez, A. D. R., y Ángeles-Vázquez, J. R. (2022). Water Cleaning by Means of Microalgae in the Channels of Xochimilco, Mexico. *IntechOpen*.
- Alonso-Ferrel, C. L., Ángel-Palmillas, M., Bazualdo-Sánchez, S. G., y García-Santos, L. V. (2014). Estudio de la Diversidad de Dinoflagelados en los canales de Xochimilco.
- Aoki, M., Nguyen-Pham, H. D., Takemura, Y., Tomioka, N., Ebie, Y., y Syutsubo, K. (2024). Behavior of Aeromonas, Arcobacter, and Mycobacterium in freshwater microcosms polluted with domestic wastewater. *Water, Air, y Soil Pollution*, 235(12), 771. <https://doi.org/10.1007/s11270-024-07571-x>
- Banerjee, A., Chakrabarty, M., Rakshit, N., Bhowmick, A. R., y Ray, S. (2019). Environmental factors as indicators of dissolved oxygen concentration and zooplankton abundance: Deep learning versus traditional regression approach. *Ecological Indicators*, 100, 99–117. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2018.09.051>
- Bilbao, J., Pavloudi, C., Blanco-Rayón, E., Franco, J., Madariaga, I., & Seoane, S. (2023). Phytoplankton community composition in relation to environmental variability in the Urdaibai estuary (SE Bay of Biscay): Microscopy and eDNA metabarcoding. *Marine Environmental Research*, 191, 106175. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2023.106175>
- Brown, K. M., Greenfield, D. I., y Bullerjahn, G. S. (2026). A novel sandwich hybridization assay method and probe sets for cyanobacterial harmful algal bloom detection. *Analytical Biochemistry*, 709, 116002. <https://doi.org/10.1016/j.ab.2025.116002>
- Brown, P. D., Craine, J. M., Richards, D., Chapman, A., y Marden, B. (2022). DNA metabarcoding of the phytoplankton of Great Salt Lake's Gilbert Bay: Spatiotemporal assemblage changes and comparisons to microscopy. *Journal of Great Lakes Research*, 48(1), 110-124.
- Callahan, B. J., McMurdie, P. J., Rosen, M. J., Han, A. W., Johnson, A. J. A., & Holmes, S. P. (2016). DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. *Nature Methods*, 13(7), 581–583. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3869>

- Chernyh, N. A., Merkel, A. Yu., Kondrasheva, K. V., Alimov, J. E., Klyukina, A. A., Bonch-Osmolovskaya, E. A., Slobodkin, A. I., y Davranov, K. D. (2024). At the Shores of a Vanishing Sea: Microbial Communities of Aral and Southern Aral Sea *Region. Microbiology*, 93(1), 1–13. <https://doi.org/10.1134/S0026261723602944>
- Dedysh, S. N., Belova, S. E., Bodelier, P. L. E., Smirnova, K. V., Khmelenina, V. N., Chidthaisong, A., Trotsenko, Y. A., Liesack, W., y Dunfield, P. F. (2007). *Methylocystis heyeri* sp. Nov., a novel type II methanotrophic bacterium possessing 'signature' fatty acids of type I methanotrophs. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 57(3), 472–479. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64623-0>
- Deng, Q.-Q., Luo, X.-Q., Li, S.-H., Li, J.-L., Wang, P.-D., Yuan, Y., Yang, Z.-W., y Li, W.-J. (2023). *Alsobacter ponti* sp. Nov., a novel denitrification and sulfate reduction bacterium isolated from Pearl River sediment. *Antonie van Leeuwenhoek*, 116(10), 987–994. <https://doi.org/10.1007/s10482-023-01861-w>
- Du, W., Wang, J., Zhao, X., Liang, E., He, J., Kong, L., Cai, P., & Xu, N. (2023). Algal or bacterial community: Who can be an effective indicator of the impact of reclaimed water recharge in an urban river. *Water Research*, 247, 120821. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2023.120821>
- Figuerola-Torres, María Guadalupe, Arana-Magallón, Fernando, Almanza-Encarnación, Saúl, Ramos-Espinosa, María Guadalupe, y Ferrara-Guerrero, María Jesús. (2015). Microalgas del Área Natural Protegida Ejidos de Xochimilco San Gregorio Atlapulco, México. *CienciaUAT*, 9(2), 15-29.
- Gárate-Lizárraga, I., Okolodkov, Y. B., y Cortés-Altamirano, R. (2016). Microalgas formadoras de florecimientos algales en el Golfo de California. Florecimientos Algales Nocivos en Mexico; García-Mendoza, E., Quijano-Scheggia, SI, Olivos-Ortíz, A., Núñez-Vázquez, EJ, Eds, 130-145.
- González-Guadarrama, M. D. J., Castillo-Blum, S. E., y Armienta, M. A. (2022). Complejación de metales por sustancias húmicas acuáticas como proceso natural, tomando como caso de estudio el Lago de Xochimilco. *Geofísica Internacional*, 61(1), 55–65. <https://doi.org/10.22201/igeof.00167169p.2022.61.1.2188>
- Guillou, L., Bachar, D., Audic, S., Bass, D., Berney, C., Bittner, L., Boutte, C., Burgaud, G., De Vargas, C., Decelle, J., Del Campo, J., Dolan, J. R., Dunthorn, M., Edvardsen, B., Holzmann, M., Kooistra, W. H. C. F., Lara, E., Le Bescot, N., Logares, R., ... Christen, R. (2012). The Protist Ribosomal Reference database (PR2): A catalog of unicellular eukaryote Small Sub-Unit rRNA sequences with curated taxonomy. *Nucleic Acids Research*, 41(D1), D597–D604. <https://doi.org/10.1093/nar/gks1160>

- Han, B., Liu, S.-Y., Han, L.-L., Song, X.-T., Mo, L.-Y., y Zhang, L.-M. (2022). The contribution of nirK gene-containing thaumarchaea to denitrification and N₂O production across coastal sediment and terrestrial ecosystems. *Journal of Soils and Sediments*, 22(8), 2246–2261. <https://doi.org/10.1007/s11368-022-03219-7>
- Hernández, E., Aguirre, N., Palacio, K., Palacio, J., Ramírez, J. J., Duque, S. R., Mogollón, M. y Kruk, C. (2020). Clasificación de grupos morfofuncionales del fitoplancton en seis sistemas lénticos de las regiones Caribe, Andina y Amazónica de Colombia. *Revista de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales*, 44(171), 392-406.
- Instituto Nacional de Estadística y Geografía. (2020). Cuenca hidrológica Xochimilco: Humedales: Informe técnico. INEGI.
- Jia, J., Gao, Y., Zhou, F., Shi, K., Johnes, P. J., Dungait, J. A. J., Ma, M., y Lu, Y. (2020). Identifying the main drivers of change of phytoplankton community structure and gross primary productivity in a river-lake system. *Journal of Hydrology*, 583, 124633.
- Kallistova, A. Yu., Kadnikov, V. V., Beletskii, A. V., y Pimenov, N. V. (2024). Microorganisms of the Methane Cycle in Copepods from a High-Altitude Lake. *Microbiology*, 93(S1), S93–S99. <https://doi.org/10.1134/S002626172460839X>
- Khan, M. A. A., Alpona, A. A., y Ullah, S. (2025). Elucidating the role of environmental conditions and nutrients in shaping phytoplankton structures in the Cox's Bazar coast, Bay of Bengal. *Regional Studies in Marine Science*, 88, 104265. <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2025.104265>
- Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M., & Glöckner, F. O. (2013). Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic Acids Research*, 41(1), e1–e1. <https://doi.org/10.1093/nar/gks808>
- Knief, C. (2015). Diversity and Habitat Preferences of Cultivated and Uncultivated Aerobic Methanotrophic Bacteria Evaluated Based on pmoA as Molecular Marker. *Frontiers in Microbiology*, 6. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.01346>
- Komárek, J. (2003). COCCOID AND COLONIAL CYANOBACTERIA. En *Freshwater Algae of North America* (pp. 59–116). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-012741550-5/50004-0>
- Kwon, D. R., Jo, B. Y., Jang, S. W., Lee, C. S., y Nam, S. W. (2021). New records of the genus Cyanobium and Cyanobium gracile (Synechococcales, Cyanophyceae) in Korean freshwater. *환경생물*, 39(1), 32-38.
- Li, X., Chen, K., Wang, C., Zhuo, T., Li, H., Wu, Y., Lei, X., Li, M., Chen, B., y Chai, B. (2025). Deciphering environmental factors influencing phytoplankton

- community structure in a polluted urban river. *Journal of Environmental Sciences*, 148, 375-386.
- Lopes Dos Santos, A., Gérikas Ribeiro, C., Ong, D., Garczarek, L., Shi, X. L., Nodder, S. D., Vaulot, D., y Gutiérrez-Rodríguez, A. (2022). Phytoplankton diversity and ecology through the lens of high throughput sequencing technologies. En L. A. Clementson, R. S. Eriksen, y A. Willis (Eds.), *Advances in Phytoplankton Ecology* (Cap. 11). *Elsevier*.
- López-Mendoza, Z., Tavera, R., y Novelo, E. (2015). El fitoplancton de un canal de Xochimilco y la importancia de estudiar ecosistemas acuáticos urbanos. *TIP. Revista especializada en ciencias químico-biológicas*, 18(1), 13-28.
- Lv, Z., Ma, L., Zhang, H., Zhao, Y. y Zhang, Q. (2024). Environmental and Hydrological Synergies Shaping Phytoplankton Diversity in the Hetao Irrigation District. *Environmental Research*, 120142.
- Ma, S., Zhang, L., Zhang, L., Zhang, S., Zhu, Y., Wang, J., & Zou, K. (2025). Divergent responses of abundant and rare bacterial communities to environmental variables in highly urbanized coastal regions: N-NO₂-mediates the community assembly and co-occurrence networks. *Journal of Environmental Management*, 378, 124764. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2025.124764>
- McMurdie, P. J., & Holmes, S. (2013). phyloseq: An R Package for Reproducible Interactive Analysis and Graphics of Microbiome Census Data. *PLoS ONE*, 8(4), e61217. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061217>
- Nandini, S., Ramirez García, P., y Sarma, S. S. S. (2015). Water quality in Lake Xochimilco, Mexico: Zooplankton indicators and *Vibrio cholerae*. *Journal of Limnology*. <https://doi.org/10.4081/jlimnol.2015.1213>
- Ortega-Guerrero, B., García, S., Cruz, G., Salinas, C., Caballero, M., Reyes, I., y Cabaleiro, L. (2022). Estratigrafía del Holoceno y Pleistoceno Superior del Lago de Xochimilco, centro de México. *Revista Mexicana de Ciencias Geológicas*, 39(2), 167-178.
- Palanivel, P., Rajendran, P. J., Thajuddin, F., Elumalai, A., Dharumadurai, D., y Muralitharan, G. (2026). Correlating the Water Quality Parameters on Algal Diversity through Multivariate Statistical Analysis and Identifying the Bioindicator of Water Pollution in the Freshwater Ecosystems of Dakshina, Karnataka. *Water, Air, & Soil Pollution*, 237(3), 168. <https://doi.org/10.1007/s11270-025-08867-2>
- Qiu, S., Hu, H., Zhuo, Y., Su, Y., Yang, Y., Wang, T., Zheng, Q., Huang, X., Yilibao, A., y Chen, C. (2025). *Devosia alba* sp. Nov., a potential nitrite-reducing bacterium isolated from a mudflat. *Current Microbiology*, 82(3), 126. <https://doi.org/10.1007/s00284-025-04098-0>

- Quast, C., Priesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., Peplies, J., & Glöckner, F. O. (2012). The SILVA ribosomal RNA gene database project: Improved data processing and web-based tools. *Nucleic Acids Research*, 41(D1), D590–D596. <https://doi.org/10.1093/nar/gks1219>
- Quiroz-Flores, Agustín, Miranda-Arce, María Guadalupe, y Lot-Helgueras, Antonio. (2008). Estudio comparativo de algunas variables fisicoquímicas del agua en canales secundarios de Xochimilco con y sin *Eichhornia crassipes* (Martius) Solms-Laubach. *Polibotánica*, (25), 127-133.
- Ramos, G. M. E. (2023). Acidificación oceánica: una consecuencia preocupante del aumento de CO₂ en la atmósfera. *Revista de Divulgación Científica AQUACIENCIA*, 2(1), 10-14.
- Rastogi, G., Behera, P., y Mohapatra, M. (2019). Genetic Analysis of the Bacterioplankton Biology and Ecology Through Next-Generation High-Throughput Molecular Techniques. En *Microbial Diversity in the Genomic Era* (pp. 103-115). Elsevier.
- Saleem, F., Jiang, J. L., Li, E., Tran, K., Boere, A., Rahman, M., Paschos, A., Westrick, J. A., Zastepa, A., Edge, T. A., y Schellhorn, H. E. (2024). Regional and Longitudinal Dynamics of Cyanobacterial Blooms/Cyanobiome and Cyanotoxin Production in the Great Lakes Area. *Toxins*, 16(11), 471. <https://doi.org/10.3390/toxins16110471>
- SEDUE (1989). Acuerdo por el que se establecen los Criterios Ecológicos de Calidad del Agua CE-CCA-001/89. Secretaría de Desarrollo Urbano y Ecología. Diario Oficial de la Federación, México 13 de diciembre.
- Selak, L., Marković, T., Pjevac, P., y Orlić, S. (2022). Microbial marker for seawater intrusion in a coastal Mediterranean shallow Lake, Lake Vrana, Croatia. *Science of The Total Environment*, 849, 157859. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.157859>
- Sharrar, A. M., Flood, B. E., Bailey, J. V., Jones, D. S., Biddanda, B. A., Ruberg, S. A., Marcus, D. N., y Dick, G. J. (2017). Novel Large Sulfur Bacteria in the Metagenomes of Groundwater-Fed Chemosynthetic Microbial Mats in the Lake Huron Basin. *Frontiers in Microbiology*, 8, 791. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00791>
- Slany, M., M., M., Mrlik, V., Kriz, P., y Pavlik, I. (2010). First isolation of a newly described *Mycobacterium insubricum* from freshwater fish. *Veterinary Microbiology*, 144(1–2), 254–255. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2009.12.015>
- Su, J., Wu, X., Shi, T., Dong, S., Shi, D., Chen, H., Ming, H., y Fan, J. (2026). Environmental DNA reveals shift in phytoplankton community driven by sewage-derived eutrophication in coastal waters. *Marine Environmental Research*, 213, 107625. <https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2025.107625>

- Sun, D., Li, S., Xiong, W., Du, X., Qiao, K., y Zhan, A. (2025). Monitoring bloom-forming *Aphanizomenon* using environmental DNA metabarcoding: Method development, validation, and field application. *Journal of Environmental Sciences*, 150, 477-489.
- Tanttu, H., Verschuren, D., De Crop, W., Nankabirwa, A., Cocquyt, C., Tytgat, B., y Verleyen, E. (2023). High-throughput sequencing and marker pigment analysis of freshwater phytoplankton: A direct comparison with microscopic count data in the tropical crater lakes of Western Uganda. *Limnologia*, 99, 126052.
- Tavera, R., y Díez, B. (2009). Multifaceted approach for the analysis of the phototrophic microbial community in a freshwater recreational area of Xochimilco, México. *Hydrobiologia*, 636(1), 353–368. <https://doi.org/10.1007/s10750-009-9965-8>
- Vanparys, B., Heylen, K., Lebbe, L., y De Vos, P. (2005). *Devosia limi* sp. Nov., isolated from a nitrifying inoculum. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 55(5), 1997–2000. <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63714-0>
- Wang, B., Hu, K., Li, C., Zhang, Y., Hu, C., Liu, Z., Ding, J., Chen, L., Zhang, W., Fang, J., y Zhang, H. (2024). Geographic distribution of bacterial communities of inland waters in China. *Environmental Research*, 249, 118337. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2024.118337>
- Wang, X., Liu, Q., Xia, W., y Zhang, C. (2025). Nutrients Mass Balance in an Integrated Constructed Wetland–Microbial Fuel Cell System Using Activated Carbon. *Environmental Engineering Science*, 42(5), 216–226. <https://doi.org/10.1089/ees.2024.0310>
- Wang, Z., Liu, L., Tang, Y., Li, A., Liu, C., Xie, C., Xiao, L., y Lu, S. (2022). Phytoplankton community and HAB species in the South China Sea detected by morphological and metabarcoding approaches. *Harmful Algae*, 118, 102297.
- Wei, T., Simko, V., Levy, M., Xie, Y., Jin, Y., & Zemla, J. (2017). Package ‘corrplot’. *Statistician*, 56(316), e24.
- Xiong, Z., Xie, Z., Li, H., Peng, C., Jia, J., Liu, X., ... y Gong, B. (2024). The influence of temperature and river runoff on phytoplankton community diversity in Beibu Gulf: insight from 18 S rDNA metabarcoding analysis. *BMC Ecology and Evolution*, 24(1), 129.

10. Anexos

Tabla 1. Parámetros fisicoquímicos promedio $\pm$ E.E. de cada nivel de la columna de agua (Zona Afótica y Zona Fótica) en los sitios de muestreo.

Sitio/Nivel	pH	Temperatura (°C)	Oxígeno disuelto (mg/L)	Conductividad (μ S/cm)
Atizapa-ZA	9 $\pm$ 0	26.17 $\pm$ 0.39	12.77 $\pm$ 0.20	832.67 $\pm$ 1.45
Atizapa-ZF	9 $\pm$ 0	25.47 $\pm$ 0.23	14.9 $\pm$ 0.47	831.33 $\pm$ 0.67
Otenco-ZA	9.20 $\pm$ 0	26.73 $\pm$ 0.29	15.03 $\pm$ 0.30	815.67 $\pm$ 2.03
Otenco-ZF	9.30 $\pm$ 0.06	27.4 $\pm$ 0.21	19.07 $\pm$ 0.61	801 $\pm$ 2.31
Toro-ZA	8.07 $\pm$ 0.12	21.60 $\pm$ 0	5.87 $\pm$ 0.22	842 $\pm$ 1.53
Toro-ZF	8.97 $\pm$ 0.09	25.67 $\pm$ 1.29	19.50 $\pm$ 0.21	764 $\pm$ 2.65
CE-ZA	8.30 $\pm$ 0	24.90 $\pm$ 0.15	9.30 $\pm$ 0.31	838.67 $\pm$ 0.88
CE-ZF	8.20 $\pm$ 0.06	25.10 $\pm$ 0.10	10.33 $\pm$ 0.03	838.67 $\pm$ 1.20
Cuemanco-ZA	8.90 $\pm$ 0	22.90 $\pm$ 0.88	5.66 $\pm$ 0.03	849.67 $\pm$ 0.33
Cuemanco-ZF	8.90 $\pm$ 0	23.30 $\pm$ 0.13	5.57 $\pm$ 0.23	845.67 $\pm$ 0.33
Trancatitla-ZA	8.80 $\pm$ 0	25.63 $\pm$ 0.18	10.96 $\pm$ 0.03	838.67 $\pm$ 2.85
Trancatitla-ZF	8.87 $\pm$ 0.03	25.67 $\pm$ 0.03	13.93 $\pm$ 0.30	808.33 $\pm$ 1.20
Bordo-ZA	8.73 $\pm$ 0.03	23.27 $\pm$ 0.82	8.60 $\pm$ 0.21	925.67 $\pm$ 0.33
Bordo-ZF	8.17 $\pm$ 0.23	23.20 $\pm$ 0.03	8.40 $\pm$ 0.06	919 $\pm$ 0
Descarga-ZA	8 $\pm$ 0	22.80 $\pm$ 0.91	6.40 $\pm$ 0.17	861 $\pm$ 0
Descarga-ZF	8.30 $\pm$ 0.06	23 $\pm$ 0.07	6.23 $\pm$ 0.19	857 $\pm$ 0
Texhuilo-ZA	8.63 $\pm$ 0.03	25.17 $\pm$ 0.69	10.97 $\pm$ 0.15	834.67 $\pm$ 0.33
Texhuilo-ZF	9 $\pm$ 0	27.07 $\pm$ 0.60	14.76 $\pm$ 0.38	805 $\pm$ 1.73
Canal Nacional-ZA	9 $\pm$ 0	24.33 $\pm$ 0.33	9.03 $\pm$ 0.23	855.33 $\pm$ 0.33
Canal Nacional-ZF	8.77 $\pm$ 0.03	24.53 $\pm$ 0.12	8.33 $\pm$ 0.29	856.67 $\pm$ 0.67
Apampilco-ZA	8.87 $\pm$ 0.03	26.30 $\pm$ 0.24	11.56 $\pm$ 0.33	832 $\pm$ 1
Apampilco-ZF	9.03 $\pm$ 0.03	25.83 $\pm$ 0.15	14.43 $\pm$ 0.27	817.67 $\pm$ 0.88
Tlilac-ZA	9 $\pm$ 0	26.73 $\pm$ 0.41	11.17 $\pm$ 0.24	915.67 $\pm$ 0.88
Tlilac-ZF	8.97 $\pm$ 0.03	25.87 $\pm$ 0.28	11.40 $\pm$ 0.32	938.33 $\pm$ 0.33

Tabla 2. Concentración de nutrientes y dureza general de cada nivel de la columna de agua (Zona Afótica y Zona Fótica) en los sitios de muestreo.

Sitio/Nivel	Nitratos (mg/L)	Nitritos (mg/L)	Amonio (mg/L)	Fosfatos (mg/L)	Dureza general (mg/L)
Atizapa ZA	1.13	0.03	0.8	0.5	90
Atizapa ZF	1.13	0.03	0.6	0.5	80
Otenco ZA	11.36	0.48	0.3	5	200
Otenco ZF	4.5	0.26	0.3	5.5	160
Toro ZA	1.13	0.09	0.2	1	100
Toro ZF	4.54	0.24	0.2	0.5	100
CE ZA	1.33	1	0.44	1	60
CE ZF	1.33	1	0.44	1	150
Cuemanco ZA	4.5	0.48	0.32	0.25	140
Trancatitla ZF	11.3	0.48	0.32	0.25	140
Trancatitla ZA	25	1	0.16	5	160
Trancatitla ZF	25	1	0.16	2.5	140
Bordo ZA	11.3	0.5	0.49	2.5	120
Bordo ZF	25	0.5	0.32	2.5	140
Descarga ZA	25	0.48	0.32	0.25	160
Descarga ZF	25	0.48	0.13	0.25	160
Texhuilo ZA	4.54	0.24	0.32	5	140
Texhuilo ZF	11.36	0.48	0.5	2.5	120
Canal Nacional ZA	4.5	0.03	0.1	2.5	200
Canal Nacional ZF	2.27	0.03	0.06	1	140
Apampilco ZA	1.33	1	0.3	1	180
Apampilco ZF	1.33	1	0.1	1	70
Tlilac ZA	4.5	0.26	0.3	2.5	120
Tlilac ZF	11.3	0.5	0.6	2.5	100

Tabla 3. Listado completo de filos bacterianos registrados con número de ASVs y número total de lecturas

Filo	ASVs	Lecturas
Actinomycetota	616	29344
Pseudomonadota	354	14295
Planctomycetota	173	2649
Verrucomicrobiota	91	1571
Bacillota	69	4691
Chloroflexota	41	354
Fusobacteriota	33	1092
Bacteroidota	30	115
SAR324 clade (Marine group B)	23	989
Patescibacteria	18	228
Cyanobacteriota	14	421
Candidatus Kapabacteria	13	70
Acidobacteriota	12	117
Bdellovibrionota	8	50
Halobacteriota	5	38
Armatimonadota	2	6
Campylobacterota	1	18
Candidatus Eremiobacterota	1	3
Dependentiae	1	2
Fibrobacterota	1	26
Gemmatimonadota	1	1
Ignavibacteriota	1	2
Nitrospirota	1	7
Sva0485	1	4
Thermodesulfobacteriota	1	2
NA	896	157477

Tabla 4. Listado completo de familias bacterianas registradas con número de ASVs y número total de lecturas

Filo	Familia	ASVs	Lecturas
Pseudomonadota	Hyphomicrobiales Incertae Sedis	98	6318
	Beijerinckiaceae_2	39	2665
	Paracoccaceae	22	1472
	Caulobacteraceae_2	22	494
	Acetobacteraceae_2	16	201
	Rhizobiaceae_2	13	944
	Sphingomonadaceae_2	11	280
	Comamonadaceae_2	9	147
	Reyranellaceae_2	8	113
	Devosiaceae_2	6	392
	Moraxellaceae_2	6	53
	Lysobacteraceae	4	153
	Rickettsiaceae_2	4	47
	Methylococcaceae_2	3	281
	Nitrosomonadaceae_2	3	35
	Enterobacteriaceae_2	3	10
	Hyphomicrobiaceae_2	2	193
	Hyphomonadaceae_2	2	39
	A0839_2	2	21
	Rhodocyclaceae_2	2	10
	Alcaligenaceae_2	2	8
	Incertae Sedis_101	2	8
	Sutterellaceae_2	2	9
	MWH-UniP1 aquatic group_2	2	5
	Rhodomicrobiaceae_2	1	28
	Leucotrichaceae	1	20
	SM2D12_2	1	12
	Lachnospiraceae	1	6
	Micropepsaceae_2	1	6
	Methylophilaceae_2	1	4
	Halothiobacillaceae_2	1	4
	Defluviicoccaceae_2	1	4
	Steroidobacteraceae_2	1	3
	Mitochondria_2	1	3
	Burkholderiaceae_2	1	3
	Legionellaceae_2	1	2
	Pseudohongiellaceae_2	1	2
	Paracaedibacteraceae_2	1	2

	Midichloriaceae_2	1	2
	Incertae Sedis_395	1	2
Actinomycetota	Incertae Sedis_93	162	9828
	Mycobacteriaceae_2	154	10513
	Ilumatobacteraceae_2	84	3624
	Sporichthyaceae_2	35	1224
	Microbacteriaceae_2	26	1131
	Incertae Sedis_83	13	435
	Microtrichaceae_2	13	206
	Solirubrobacteraceae_2	7	30
	Propionibacteriaceae_2	5	304
	67-14_2	3	9
	Corynebacteriaceae_2	2	122
	Incertae Sedis_89	2	93
	Micrococcaceae_2	1	34
	Iamiaceae_2	1	30
	Incertae Sedis_98	1	17
Bacillota	Peptostreptococcaceae	20	1038
	Clostridiaceae	10	1560
	Anaerovoracaceae	3	61
	Fusibacteraceae	2	59
	Ruminococcaceae	2	5
	Acidaminobacteraceae	1	29
	Eubacteriaceae	1	10
	Oscillospiraceae	1	7
	Christensenellaceae	1	4
	Incertae Sedis_133	1	4
	Family XI	1	2
Chloroflexota	Anaerolineaceae_2	10	105
	Incertae Sedis_220	6	72
	Incertae Sedis_208	6	37
	Incertae Sedis_177	5	40
	Roseiflexaceae_2	5	16
	Caldilineaceae_2	3	41
	Incertae Sedis_167	2	11
	Incertae Sedis_176	1	3
	Incertae Sedis_205	1	2
Cyanobacteriota	Cyanobiaceae_2	8	400
	Unknown Family_7	3	5
	Microcystaceae_2	2	12
	Phormidiaceae_2	1	3

	Incertae Sedis_234	1	2
	Incertae Sedis_235	1	2
Patescibacteria	Incertae Sedis_364	9	145
	Incertae Sedis_309	2	7
	Incertae Sedis_341	1	9
	Incertae Sedis_346	1	3
	Incertae Sedis_326	1	2
	Incertae Sedis_356	1	2
Bacteroidota	Chitinophagaceae	11	24
	Saprospiraceae	7	35
	Flavobacteriaceae	3	27
	NS9 marine group	2	12
	Microscillaceae	1	3
	Crocinitomicaceae	1	3
Verrucomicrobiota	Rubritaleaceae_2	50	377
	Terrimicrobiaceae_2	30	1157
	Verrucomicrobiaceae_2	5	15
	DEV007_2	3	10
	Chthoniobacteraceae_2	1	2
Planctomycetota	Pirellulaceae	157	2525
	Phycisphaeraceae	11	94
	Rubinisphaeraceae	4	29
Acidobacteriota	Blastocatellaceae	8	91
	Bryobacteraceae	2	12
	Incertae Sedis_58	1	12
Halobacteriota	Methanosaetaceae	2	22
	Methanoregulaceae	3	16
Bdellovibrionota	Oligoflexaceae	2	25
	Pseudobdellovibrionaceae	6	25
SAR324 clade(Marine group B)	Incertae Sedis_472	23	
Fusobacteriota	Fusobacteriaceae	33	1092
Fibrobacterota	Chitinivibrionaceae	1	26
Candidatus Kapabacteria	Incertae Sedis_161	13	70
Campylobacterota	Sulfurovaceae	1	18
Nitrospirota	Incertae Sedis_296	1	7
Sva0485	Incertae Sedis_478	1	4
Armatimonadota	Fimbriimonadaceae	2	6
Candidatus Eremiobacterota	Incertae Sedis_160	1	3
Dependentiae	Vermiphilaceae	1	2
Thermodesulfobacteriota	Incertae Sedis_483	1	2

Gemmatimonadota	Gemmatimonadaceae_2	1	1
Ignavibacteriota	NA	NA	NA
NA	NA	1097	148986

Tabla 5. Listado completo de géneros bacterianos registrados con número de ASVs y número total de lecturas

Filo	Género	ASVs	Lecturas
Pseudomonadota	<i> Incertae Sedis_778</i>	70	5530
	<i>Alsobacter_2</i>	14	563
	<i>Roseomonas_2</i>	14	193
	<i>Phenylobacterium_2</i>	13	207
	<i>Reyranella_2</i>	8	113
	<i>Brevundimonas_2</i>	7	275
	<i>Phreatobacter_2</i>	7	179
	<i>Acinetobacter_2</i>	5	41
	<i>Devosia_2</i>	4	385
	<i>Acidibacter_2</i>	3	5
	<i>Candidatus Megaira_2</i>	3	42
	<i>Fuscovulum</i>	3	652
	<i>Methyloparacoccus_2</i>	3	281
	<i>Nitrosomonas_2</i>	3	35
	<i>Incertae Sedis_753</i>	2	8
	<i>Incertae Sedis_771</i>	2	21
	<i>Incertae Sedis_857</i>	2	5
	<i>Incertae Sedis_864</i>	2	9
	<i>Stenotrophomonas_2</i>	2	145
	<i>alpha cluster_2</i>	1	34
	<i>Bosea_2</i>	1	10
	<i>Defluviicoccus_2</i>	1	4
	<i>FukuN57_2</i>	1	5
	<i>Hirschia_2</i>	1	30
	<i>Ideonella_2</i>	1	57
	<i>Incertae Sedis_764</i>	1	2
	<i>Incertae Sedis_795</i>	1	6
	<i>Incertae Sedis_797</i>	1	2
	<i>Incertae Sedis_823</i>	1	3
	<i>Incertae Sedis_824</i>	1	5
	<i>Incertae Sedis_827</i>	1	12
	<i>Incertae Sedis_964</i>	1	3
	<i>Legionella_2</i>	1	2
	<i>MD3-55_2</i>	1	2
	<i>Methylocystis_2</i>	1	234
	<i>Methylotheria_2</i>	1	4
	<i>Polynucleobacter_2</i>	1	3
	<i>Pseudohongiella_2</i>	1	2

	<i>Psychrobacter_2</i>	1	12
	<i>Rhizorhabdus</i>	1	6
	<i>Rhodomicrobium_2</i>	1	28
	<i>Sphingorhabdus_2</i>	1	53
	<i>Thiothrix_2</i>	1	20
	<i>UKL13-1_2</i>	1	9
Actinomycetota	<i>Incertae Sedis_159</i>	162	9828
	<i>Mycobacterium_2</i>	137	10049
	<i>CL500-29 marine group_2</i>	66	3097
	<i>hgcl clade_2</i>	16	425
	<i>Incertae Sedis_123</i>	13	435
	<i>Ilumatobacter_2</i>	11	446
	<i>IMCC26207_2</i>	10	168
	<i>Aurantimicrobium_2</i>	6	333
	<i>Candidatus Limnoluna_2</i>	6	263
	<i>Conexibacter_2</i>	6	28
	<i>Candidatus Microthrix_2</i>	3	38
	<i>Cutibacterium_2</i>	3	273
	<i>Incertae Sedis_178</i>	3	9
	<i>Candidatus Aquiluna_2</i>	2	137
	<i>Incertae Sedis_137</i>	2	93
	<i>Incertae Sedis_176</i>	2	8
	<i>Sporichthya_2</i>	2	41
	<i>Aquihabitans</i>	1	30
	<i>Corynebacterium_2</i>	1	20
	<i>Incertae Sedis_173</i>	1	17
	<i>Kocuria_2</i>	1	34
	<i>Lawsonella_2</i>	1	102
	<i>Longivirga_2</i>	1	15
Bacillota	<i>Romboutsia</i>	13	757
	<i>[Eubacterium] brachy group</i>	3	61
	<i>Fusibacter</i>	2	59
	<i>Acidaminobacter</i>	1	29
	<i>CAG-352</i>	1	3
	<i>Cellulosilyticum</i>	1	6
	<i>Christensenellaceae R-7 group</i>	1	4
	<i>Hydrogenispora</i>	1	4
	<i>Incertae Sedis_222</i>	1	10
	<i>Incertae Sedis_231</i>	1	2
	<i>Paeniclostridium</i>	1	44
	<i>Ruminiclostridium</i>	1	7

	<i>Tepidimicrobium</i>	1	2
Chloroflexota	<i>Incertae Sedis_466</i>	6	37
	<i>Incertae Sedis_480</i>	6	72
	<i>Incertae Sedis_428</i>	5	40
	<i>Incertae Sedis_430</i>	5	16
	<i>Incertae Sedis_413</i>	2	11
	<i>Leptolinea_2</i>	2	7
	<i>Anaerolinea_2</i>	1	20
	<i>Incertae Sedis_418</i>	1	4
	<i>Incertae Sedis_422</i>	1	4
	<i>Incertae Sedis_427</i>	1	3
	<i>Incertae Sedis_463</i>	1	2
	<i>Longilinea_2</i>	1	5
Patescibacteria	<i>Incertae Sedis_700</i>	9	145
	<i>Incertae Sedis_346</i>	2	12
	<i>Incertae Sedis_645</i>	2	7
	<i>Incertae Sedis_662</i>	1	2
	<i>Incertae Sedis_677</i>	1	9
	<i>Incertae Sedis_682</i>	1	3
	<i>Incertae Sedis_692</i>	1	2
Planctomycetota	<i>Incertae Sedis_742</i>	107	984
	<i>Pirellula</i>	27	1163
	<i>CL500-3</i>	11	94
	<i>Mariniblastus</i>	10	270
	<i>Incertae Sedis_745</i>	3	6
	<i>SH-PL14</i>	1	23
Cyanobacteriota	<i>Cyanobium PCC-6307_2</i>	8	400
	<i>Incertae Sedis_525</i>	1	2
	<i>Incertae Sedis_526</i>	1	2
	<i>Microcystis PCC-7914_2</i>	1	5
	<i>Planktothrix NIVA-CYA 15_2</i>	1	3
	<i>Synechocystis PCC-6803_2*</i>	1	7
Bacteroidota	<i>Incertae Sedis_330</i>	6	33
	<i>Flavobacterium</i>	3	27
	<i>Incertae Sedis_328</i>	3	7
	<i>Candidatus Aquirestis</i>	1	2
	<i>Fluviicola</i>	1	3
	<i>OLB12</i>	1	3
Verrucomicrobiota	<i>Terrimicrobium_2</i>	30	1157
	<i>Incertae Sedis_1063</i>	3	10
	<i>Incertae Sedis_1066</i>	3	10

	LD29_2	1	2
Acidobacteriota	JGI 0001001-H03	7	89
	Paludibaculum	2	12
	Incertae Sedis_92	1	12
Bdellovibrionota	Incertae Sedis_374	3	11
	Incertae Sedis_378	2	25
	Bdellovibrio_2	1	5
Candidatus Kapabacteria	Incertae Sedis_397	13	70
	Incertae Sedis_161	2	31
Halobacteriota	Methanolinea	3	16
	Methanothrix	2	22
SAR324 clade(Marine group B)	Candidatus Nitrosoarchaeum	23	989
Fusobacteriota	Cetobacterium	32	1088
Fibrobacterota	possible genus 03	1	26
Campylobacterota	Sulfurovum	1	18
Nitrospirota	Incertae Sedis_632	1	7
Sva0485	Incertae Sedis_988	1	4
Armatimonadota	Incertae Sedis_188	2	6
Candidatus Eremiobacterota	Incertae Sedis_396	1	3
Dependentiae	Incertae Sedis_537	1	2
Thermodesulfobacteriota	Incertae Sedis_1008	1	2
Gemmatimonadota	Incertae Sedis_572	1	1
Ignavibacteriota	NA	NA	NA
NA	NA	1307	157477

Nota: * Géneros sin registro previo en la zona de estudio. ** Genero relacionados a FAN

Tabla 6. Listado completo de filos eucarióticos registrados con número de ASVs y número total de lecturas

Filo	ASVs	Lecturas
Chlorophyta*	235	33657
Ochrophyta*	171	271856
Fungi	141	11934
Metazoa	53	1291
Dinoflagellata*	42	1017
Ciliophora	40	668
Cercozoa	37	3044
Pseudofungi	36	3932
Perkinsea	25	1036
Centrohelioczoa	17	417
Cryptophyta*	10	105
Mesomycetozoa	9	512
Choanoflagellida	8	130
Apicomplexa	6	133
Sagenista	3	15
Katablepharidophyta	2	34
Lobosa	2	18
Opalozoa	2	8
Conosa	1	12
Picozoa	1	3
Stramenopiles_X	1	6
Streptophyta	1	18
NA	2996	265528

Nota: * Filos fitoplanctónicos

Tabla 7. Listado completo de familias fitoplanctónicas registradas con número de ASVs y número total de lecturas

Filo	Familia	ASVs	Lecturas
Dinoflagellata	Dinophyceae_XX	5	73
	Kryptoperidiniaceae	5	275
	Dino-Group-I-Clade-1	3	15
	Gymnodiniaceae	3	45
	Prorocentraceae	3	27
	Dino-Group-II-Clade-6	2	22
	Thoracosphaeraceae	2	232
	Tovelliaaceae	2	9
	Borghiellaceae	1	19
	Dino-Group-II-Clade-29	1	5
	Heterocapsaceae	1	3
	Suessiaceae	1	17
Chlorophyta	Sphaeropleales_X	127	26686
	Chlorellales_X	51	2828
	Chlamydomonadales_X	16	1505
	Scenedesmaceae	6	40
	Chlorophyceae_XX	1	2
Ochrophyta	Polar-centric-Mediophyceae	122	269933
	Eustigmatophyceae_XX	36	1733
	Radial-centric-basal-Coscinodiscophyceae	11	179
	Chrysophyceae_Clade-C	1	8
	Chrysophyceae_Clade-F	1	3
Cryptophyta	Cryptomonadales_X	10	105
NA	NA	47	291610

Tabla 8. Listado completo de géneros fitoplanctónicos registrados con número de ASVs y número total de lecturas

Filo	Género	ASVs	Lecturas
Chlorophyta	<i>Mychonastes</i> *	9	1572
	<i>Pseudodidymocystis</i> *	9	442
	<i>Desmodesmus</i>	8	2859
	<i>Pseudomuriella</i> *	7	637
	<i>Pteromonas</i>	6	233
	<i>Tetrastrum</i>	6	40
	<i>Golenkinia</i>	5	1154
	<i>Scenedesmus</i>	5	333
	<i>Chlamydomonas</i>	2	53
	<i>Polyedriopsis</i>	2	42
	<i>Chlorellales_XX</i>	1	7
	<i>Protodesmus</i> *	1	161
	<i>Schroederia</i> *	1	5
	<i>Treubaria</i>	1	2
Ochrophyta	<i>Cyclotella</i>	82	265293
	<i>Aulacoseira</i>	11	179
	<i>Monodus</i> *	5	309
	<i>Nannochloropsis</i> *	4	278
	<i>Polar-centric-Mediophyceae_X</i>	4	489
	<i>Skeletonema</i> *	4	263
	<i>Stephanodiscus</i>	2	64
	<i>Chaetoceros</i> *	1	3
	<i>Chrysophyceae_Clade-F_X</i>	1	3
	<i>Eustigmatophyceae_XXX</i>	1	19
Dinoflagellata	<i>Dinophyceae_XXX</i>	5	73
	<i>Durinskia</i>	5	275
	<i>Dino-Group-I-Clade-1_X</i>	3	15
	<i>Gyrodinium</i> *	3	45
	<i>Prorocentrum</i> *	3	27
	<i>Dino-Group-II-Clade-6_X</i>	2	22
	<i>Tovellia</i> *	2	9
	<i>Borghiella</i> *	1	19
	<i>Dino-Group-II-Clade-29_X</i>	1	5
	<i>Heterocapsa</i> *	1	3
Cryptophyta	<i>Cryptomonas</i>	4	42

Nota: * Géneros sin registro previo en la zona de estudio.

**Visto bueno del informe final de servicio social por investigación
titulado “Caracterización de las comunidades microbianas de los
canales de Xochimilco por secuenciación masiva del gen 16S rDNA y
18S rDNA”**



ASESOR INTERNO

Dr. Hugo César Ramírez Saad
No. Eco. 8642



ASESOR EXTERNO

Dr. Jesús Israel Morales Jiménez
Ced. 7561301