

EVIDENCIA DE ACIDIFICACIÓN Y CARGA ORGÁNICA EXTREMA: CARACTERIZACIÓN FÍSICOQUÍMICA Y DETECCIÓN DE MICROORGANISMOS EN AGUAS RESIDUALES DE CHIAPA DE CORZO, CHIAPAS.

Lourdes Yaret Ortiz Cortés ^a, Peggy Elizabeth Álvarez Gutiérrez ^b, Roberto Alejandro Sánchez González ^c, Sergio Domínguez Arrevillaga ^c, Norberto Urbina Brito ^d.

^a Escuela de Ciencias Químicas Benemérita Universidad Autónoma de Chiapas, C.P. 29140 Ocozocoautla, Chiapas, México

^b CONACYT/Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez, C.P. 29050 Tuxtla Gutiérrez, Chiapas, México.

^c Laboratorio de Investigación, Hospital Regional de Alta Especialidad Ciudad Salud, Servicios de Salud del Instituto Mexicano del Seguro Social para el Bienestar (IMSS-BIENESTAR) C.P. 30830 Tapachula Puerto Madero Chiapas, México.

^d Ingeniería Biomédica, Universidad Politécnica de Chiapas, C.P. 29150 Suchiapa, Chiapas, México

Autor de correspondencia: norberto.urbinab@gmail.com

RESUMEN

Se realizó el análisis de las aguas residuales provenientes de un reactor mixto del sistema de tratamiento del fraccionamiento Villa Real de Chiapa; inicialmente, se realizaron dos muestreos, uno en el mes de febrero (muestra 1) y otro en el mes de marzo (muestra 2) de 2025.

Se llevaron a cabo la determinación de 12 parámetros fisicoquímicos y el aislamiento de comunidades bacterianas, para ambas muestras. Los aislados bacterianos se caracterizaron a nivel fenotípico, bioquímico y molecular.

Los resultados de la caracterización fisicoquímica para las muestras 1 y 2 indicaron valores de pH de 2.25 ± 0.298 y 2.51 ± 0.371 , conductividad eléctrica de $683 \pm 3 \mu\text{S/cm}$ y $648 \pm 16.7 \mu\text{S/cm}$, sólidos suspendidos de $30.67 \pm 2.0817 \text{ mg/mL}$ y $30.00 \pm 2.00 \text{ mg/mL}$, color de $399.67 \pm 128.2 \text{ Pt/Co}$ y $342 \pm 23.5 \text{ Pt/Co}$, turbidez de $13.67 \pm 0.57 \text{ NTU}$ y $13.33 \pm 0.6 \text{ NTU}$, nitratos de $3.24 \pm 0.58 \text{ mg/mL}$ y $3.43 \pm 0.30 \text{ mg/mL}$, hierro de $1.94 \pm 0.016 \text{ mg/mL}$ y $1.94 \pm 0.03 \text{ mg/mL}$, cloruros de $284.05 \pm 54.68 \text{ mg/mL}$ y $263.82 \pm 12.70 \text{ mg/mL}$, nitrógeno total de $6.1 \pm 0.99 \text{ mg/mL}$ y $6.03 \pm 0.49 \text{ mg/mL}$, fosfatos totales de $20.3 \pm 0.252 \text{ mg/mL}$ y $21.30 \pm 0.46 \text{ mg/mL}$, demanda química de oxígeno de $2753.33 \pm 85.01 \text{ mg/mL}$ y

2645±23.54 mg/mL. En ninguna muestra se encontró nitrógeno amoniacal.

Diez cepas bacterianas fueron aisladas. De la muestra 1 (YEH_1A, YEH_2A, YEH_3A, YEH_4A, YEH_5A). De la muestra 2 (YEH_1B, YEH_2B, YEH_3B, YEH_4B, YEH_5B).. Todas las bacterias fueron Gram positivas. Llevan a cabo la fermentación y oxidación de glúcidos, a excepción de YEH_2B que solo mostró capacidad fermentativa. El análisis filogenético indicó que están relacionadas con los géneros *Bacillus*, *Lactiplantibacillus* y *Mycobacterium*.

Palabras clave: pH ácido, alta conductividad eléctrica, *Bacillus*, *Lactiplantibacillus* y *Mycobacterium*, salud pública.

INTRODUCCIÓN

El agua es un recurso estratégico cuya demanda aumenta con el crecimiento poblacional y económico, incrementando la generación de aguas residuales. Dada esta criticidad, la ONU reconoció el derecho humano al agua y saneamiento. Esto se formaliza en el Objetivo de Desarrollo Sostenible (ODS) 6 de la Agenda 2030, que promueve el acceso universal y la reducción de la contaminación (PNUD, 2025).

En México de acuerdo con información de la Comisión Nacional del Agua (CONAGUA), existen 2526 plantas de tratamiento de aguas residuales municipales que descargan 135.6 m³/s de agua tratada, sin embargo, no especifica la calidad de estas aguas ni cuántas de ellas

se encuentra operando en la actualidad (SEMARNAT, 2025).

Los principales contaminantes en las aguas residuales urbanos son materia orgánica biodegradable (Demanda Bioquímica de Oxígeno (DBO), Demanda Química de Oxígeno (DQO)), sólidos suspendidos (SST), sustancias inorgánicas y también microorganismos, entre ellos bacterias (Chamy, 2018) (Pimentel, 2017) (Red del Agua UNAM, 2021).

Estos contaminantes pueden ir directamente a las corrientes de agua, tales como ríos o arroyos lo que representa una amenaza para la salud de los habitantes, (Wibowo, 2021) estos problemas a la salud han sido descritos ya y se tienen evidencias suficientes (Whipple et al., 2021) (Shi et al., 2025) (Arhin et al., 2023).

Las plantas de tratamiento de aguas no siempre liberan aguas residuales que sean optimas para su reingreso a las cuencas y suelen estar con cantidades importantes de diversos contaminantes (Jaskulak, 2022) (Hassan, 2023).

En Chiapas según información de la CONAGUA hay 117 plantas de tratamiento de aguas en operación con una capacidad instalada de 2.18 m³/s y un caudal procesado de 1.25 m³/s, si esto se compara con que se reportan 415 hm³/año del agua es consumo en abastecimiento público de los cuales 334 hm³/año son de tipo superficial y 81 hm³/año de tipo subterráneo, se puede pensar que las plantas de tratamiento son insuficientes. (CONAGUA, 2025) Además, las aguas tratadas presentan problemas de

calidad. Los valores de conductividad eléctrica han evidenciado que el 31.9 % de están arrojan agua contaminada. Valores de DBO y DQO indicaron problemas de contaminación en el 22.9 % y 27.5 % de los sistemas de tratamiento. Mientras que los valores de SST han mostrado que el 8.6 % y el 3.4 % de las aguas tratadas se encuentran contaminadas y fuertemente contaminadas, respectivamente (CONAGUA, 2025).

Por esta razón, es importante realizar el monitoreo de los parámetros fisicoquímicos de los sistemas de tratamiento de agua residuales y compararlos con los valores máximos permitidos por las normas oficiales mexicanas, principalmente la NOM-127-SSA1-1994 "Salud ambiental, agua para uso y consumo humano-límites permisibles de calidad y tratamientos a que debe someterse el agua para su potabilización".

En México existen normas que indican los parámetros que se miden en las aguas residuales y los límites máximos permisibles que deben tener para su descarga o reúso. La principal es la Norma Oficial Mexicana NOM-001-SEMARNAT-2021, que establece los límites permisibles de contaminantes en las descargas de aguas residuales en cuerpos receptores propiedad de la nación. Adicionalmente, la NOM-003-SEMARNAT-1997 establece los límites para las aguas residuales tratadas que se reutilizan en servicios al público. Estas normas, de utilidad y de referencia obligatoria, aseguran que las descargas no dañen los ecosistemas hídricos (SEMARNAT, 2022).

El análisis microbiológico de aguas residuales se enfoca en bacterias clave para la biodegradación y riesgos patógenos. Se detectan frecuentemente bacterias Gram positivas como *Bacillus* (importante en remoción de materia orgánica), *Lactiplantibacillus* (relacionado con fermentación) y el patógeno oportunista emergente *Mycobacterium*. Identificar estos géneros específicos es crucial para entender el tratamiento biológico y evaluar los riesgos sanitarios (Zhang, 2020) (Van Der Wielen, 2018) (Falkinham, (2015)).

MATERIALES Y MÉTODOS

Sitio de muestreo

La muestra fue obtenida del reactor mixto del sistema de tratamiento de aguas residuales del fraccionamiento Villa Real de Chiapa, ubicado en el municipio de Chiapa de Corzo, Chiapas, junto a la carretera internacional. Se realizaron dos muestreos, uno en el mes de febrero (muestra 1) y otro en el mes de marzo (muestra 2) de 2025, en la salida del reactor mixto cuya descarga tiene salida directa al río Grijalva. Las muestras fueron almacenadas en garrafas estériles de polietileno de cinco litros. Posteriormente, las garrafas se trasladaron al Laboratorio 9 del Polo Tecnológico del TecNM/Instituto Tecnológico de Tuxtla Gutiérrez, en condiciones de refrigeración (4 °C) para su posterior análisis.

El muestreo fue realizado conforme a la Norma Mexicana NMX-AA-003-1980 (SEMARNAT, 2021).

Caracterización fisicoquímica del agua residual.

La caracterización fisicoquímica para cada muestra se llevó a cabo utilizando los kits comerciales [HACH] [®](Colorado, EUA), siguiendo las instrucciones del fabricante, conforme a lo establecido en la NOM-001-SEMARNAT-2021. Se analizaron 12 parámetros (Tabla 1).

Tabla 1. Parámetros analizados		
Parámetro	Norma	Equipo/Técnica
pH	NMX-AA-008-SCFI-2016	Potenciómetro HQ40d
Conductividad eléctrica (Ms/cm)	NMX-AA-093-SCFI-2011	Potenciómetro HQ40d
Sólidos suspendidos	NMX-AA-036-SCFI-2001	Volumetría
Color (Pt/Co)	NMX-AA-017-1980	Espectrómetro DR9000
Turbidez	NMX-AA-036-SCFI-2001	Espectrómetro DR9000
Nitrógeno amoniacal (mg/L)	Método TNT832 10205	Espectrómetro DR9000
Nitratos (mg/L)	Reducción de cadmio Hach	Espectrómetro DR9000
Hierro total (mg/L)	Método Hierro total 8112	Espectrómetro DR9000
Cloruros (mg/L)	Método de nitrato de plata 8207	Espectrómetro DR9000
Nitrógeno total (mg/L)	Método TNT826, 10208	Espectrómetro DR9000
Fosfatos totales (mg/L)	Método TNT845 10209/10210	Espectrómetro DR9000
DQO (mg/L)	Método DQO 8000	Digestor/Espectrofotómetro

CULTIVO Y AISLAMIENTO DE BACTERIAS

Se colectaron dos muestras de agua del sitio de muestreo ya mencionado. Estas fueron inmediatamente trasladadas al laboratorio y se realizaron diluciones seriadas 10^{-1} , 10^{-2} , 10^{-3} . De cada una de estas diluciones se transfirieron 300 μ L a los medios sólidos de LB (NaCl 5.0 g/L, extracto de levadura 5.0 g/L, peptona de caseína 10.0 g/L) y se procedió a hacer una siembra en placa por extensión. El pH del medio fue de 3.0 y la temperatura de incubación de 37 °C. Una vez observado el crecimiento, se realizó el aislamiento de las colonias en medio LB a pH 3.0, hasta obtener cultivos axénicos.

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y BIOQUÍMICA

Las pruebas fenotípicas realizadas en las cepas identificadas como YEH_1A, YEH_2A, YEH_3A, YEH_4A, YEH_5A; de la muestra 1 y YEH_1B, YEH_2B, YEH_3B, YEH_4B y YEH_5B, de la muestra 2, fueron morfología celular y tinción Gram (Jones, 1981). Adicionalmente, se realizó una caracterización bioquímica basada en las pruebas de Hierro de triple azúcar (TSI), agar Citrato de Simmons (CS), Lisina Hierro

Agar (LIA), Medio Semi Sólido (SIM), Medio de Motilidad Indol (MIO), Oxidación Fermentación (OF), Prueba Rojo de metilo/ Voges Proskauer (MR/VP).

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR

La extracción del ADN genómico de las cuatro cepas bacterianas se realizó mediante el método de fenol-cloroformo. Este se utilizó como plantilla para amplificar el gen 16S mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) utilizando los cebadores bacterianos universales 8F (5'-AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG-3') y 1492R (5'-GGT TAC CTT GTT ACG ACT T-3').(Valledor et al. 2014) Las condiciones de PCR fueron 92 °C durante 5 minutos, 92 °C durante 30 segundos, 57 °C durante 1 minuto, 72 °C durante 1 minuto y 72 °C durante 5 minutos. Por un total de 30 ciclos (Valledor et al., 2014). La integridad del ADN genómico y de los productos de PCR fueron analizados mediante el corrimiento electroforético en geles de agarosa al 1% y mediante métodos espectrofotométricos.

La secuenciación de los amplicones se llevó a cabo en Macrogen, Seúl, Corea del Sur. Las secuencias del gen ARNr 16S se

editar y las secuencias consenso se generaron utilizando el paquete de software BioEdit versión 7.2.5 (Hall 1999). Estas secuencias se compararon en la base de datos GenBank del Centro Nacional de Biotecnología (NCBI, EUA) mediante la herramienta BLAST de nucleótidos. Las secuencias consenso se alinearon con la herramienta en línea CLUSTALW (Saitou y Nei, 1987).

Esta alineación se utilizó para la construcción del árbol filogenético mediante el método de unión vecina y el modelo de dos parámetros de Kimura, utilizando un análisis bootstrap con 1000 réplicas (Saitou y Nei, 1987).

Estos análisis se realizaron con el paquete de software MEGA X versión 10.1.8 (Kumar et al., 2018).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Caracterización fisicoquímica del agua residual

Los resultados de los parámetros fisicoquímicos analizados de las muestras 1 y 2 de agua del sistema de tratamiento de aguas residuales del fraccionamiento Villa Real, Chiapa de Corzo, Chiapas, se muestran en la Tabla 2.

Tabla 2. Caracterización Fisicoquímica de muestras de Agua		
Parámetro	Muestra 1	Muestra 2
pH	2.25±0.298	2.51±0.371
Conductividad eléctrica (µS/cm)	683±3	648±16.7
Sólidos suspendidos(mg/L)	30.67±2.0817	30.00±2.00
Color (Pt/Co)	399.67± 128.2550	342± 23.5
Turbidez (NTU)	13.67±0.5774	13.33±0.6
Nitrógeno amoniacal (mg/L)	0± 0	0± 0
Nitratos (mg/L)	3.24± 0.58	3.43± 0.30
Hierro total(mg/L)	1.94±163.99	1.94±0.03
Cloruros (mg/L)	284.05±54.68	263.82±12.70
Nitrógeno total (mg/L)	6.1± 0.99	6.03± 0.49
Fosfatos totales (mg/L)	20.3± 0.252	21.30± 0.46
Demanda química de oxígeno (mg/L)	2753.33±85.01	2645±23.54

Los valores de pH determinados en ambas muestras indicaron que el agua se encuentra altamente acidificada y con altos valores de conductividad eléctrica. Este hallazgo resulta alarmante debido a que existe evidencia científica que demuestra que el agua acidifica y con valores superiores a 2000 $\mu\text{S}/\text{cm}$ puede contener altas cantidades de metales pesados como Pb, As, Cu, Ni, Cb, Cr y Zn, presencia de contaminantes y altas concentraciones iones como Na^+ , NO_3^- y SO_4^{2-} (Yang et al., 2021), (Arhin et al., 2023). La exposición a estos es peligrosa, debido a que conduce a envenenamiento y toxicidad (Sofi et al., 2014). También puede cambiar la microbiota intestinal y la autoinmunidad (Whipple et al., 2021), (Wolf et al., 2014). Tiene efecto sobre la morfología intestinal, la actividad enzimática digestiva y la actividad enzimática antioxidante (Shi et al., 2025). En consecuencia, los consumidores pueden experimentar diarrea, náuseas, vómito, dolores anormales, debilidad, dificultad para respirar, supresión del sistema inmunológico, daño a los órganos y desgaste del esmalte que conduce a caries dentales (Arhin et al., 2023).

Otro parámetro extremadamente elevado fue la demanda química de oxígeno de 2753.33 mg/mL para la muestra 1 y de 2645 mg/mL para la muestra 2. Esto evidencia que el agua está altamente contaminada por materia orgánica y compuestos químicos, ya que estos valores sobrepasan los límites aceptables para aguas no tratadas (Salih et al., 2021).

Respecto a los parámetros de sólidos suspendidos y turbidez (30 mg/mL y 13 NTU respectivamente) fueron iguales en ambas muestras. Mientras que, el valor obtenido de color fue mayor para la muestra 1 (399.67 Pt/Co) en comparación a la muestra 2 (342 Pt/Co). Estos tres parámetros están relacionados, ya que una gran cantidad de sólidos suspendidos genera un aumento en la turbidez, en consecuencia, se produce un cambio de color.

Los sólidos suspendidos indican el total de sustancias orgánicas e inorgánicas que se encuentran disueltas en el agua y pueden servir como acarreadores de contaminantes, bacterias y metales pesados (Zhao et al., 2020). Por lo que, los valores elevados encontrados en este

estudio sugieren una mala calidad del agua. Mientras que, los índices elevados de turbidez provocan la dispersión de la luz, impidiendo el paso de esta al interior del cuerpo acuífero, disminuyendo la cantidad de oxígeno disuelto y aumentando la temperatura, ocasionando el desequilibrio de la vida acuática. Además, puede indicar la presencia de microorganismos patógenos (Adjovu et al., 2023).

Aunque no se determinó nitrógeno amoniacal en ninguno de las muestras analizadas, el valor de nitrógeno total fue de 6 mg/mL y el de nitratos de 3 mg/mL en ambas muestras. Estos resultados dan un panorama de la calidad del agua, ya que la presencia de especies de nitrógeno ha sido reportada en aguas contaminadas (Gao et al., 2021). La ausencia de nitrógeno amoniacal indica que no existe amonio o amoniaco, posiblemente porque fue transformado a nitritos y posteriormente a nitratos como resultado de la actividad nitrificante de las bacterias (Xu et al., 2022).

La presencia de nitratos indica que se está llevando a cabo el proceso de eutrofización y este puede provenir de los

fertilizantes de las prácticas agrícolas. Mientras que el resto del nitrógeno puede ser resultado de la degradación de proteínas, aminoácidos y otras moléculas nitrogenadas (Lamontagne et al., 2018).

Los valores obtenidos hierro total (81.94 mg/mL), cloruros (284.05 mg/mL-263.82 mg/mL) y fosfatos totales (20-21 mg/mL) se encuentra por encima del límite máximo permitido por la Organización Mundial de la Salud, indicando que el agua presenta un sabor metálico y salado, además de no ser para consumo humano. Estos valores elevados pueden deberse a la presencia de contaminantes provenientes de las actividades industriales, actividades agrícolas, aguas residuales domésticas con detergentes y productos químicos de limpieza (Boumaiza et al., 2022), (Pulido-Velazquez et al., 2022) (Islam & Mostafa, 2023).

Análisis comparativo de parámetros fisicoquímicos de calidad del agua.

La Figura 1 muestra el análisis del color, hierro, conductividad eléctrica, demanda bioquímica de oxígeno, fosfatos totales, pH, nitratos, sólidos suspendidos, cloruros, nitrógeno amoniacal y nitrógeno

total para los dos muestreos del fraccionamiento Villa Real, Chiapa de Corzo, Chis.

Los resultados indicaron que al aumentar los valores de color hierro, conductividad eléctrica, demanda bioquímica de oxígeno y fosfatos totales, se presenta una disminución de pH, nitratos, sólidos suspendidos, cloruros, nitrógeno amoniacal y nitrógeno total. Este patrón parece ser característico para ambas muestras analizadas. Se sabe que cada manto acuífero tiene particulares biológicos, químicas y físicas, generando variaciones en los diferentes factores fisicoquímicos que se analizan.

Para todos los parámetros, los valores obtenidos sobrepasan los límites máximos permitidos por las Normas Oficiales Mexicanas NOM-159-SEMARNAT-2011, NOM-083-SEMARNAT-2003, NOM-083-SEMARNAT-2003 y NOM-173-SEMARNAT-2023. Esto sugiere una mala calidad del agua y es extremadamente preocupante, debido a que representaría un riesgo para la salud pública.

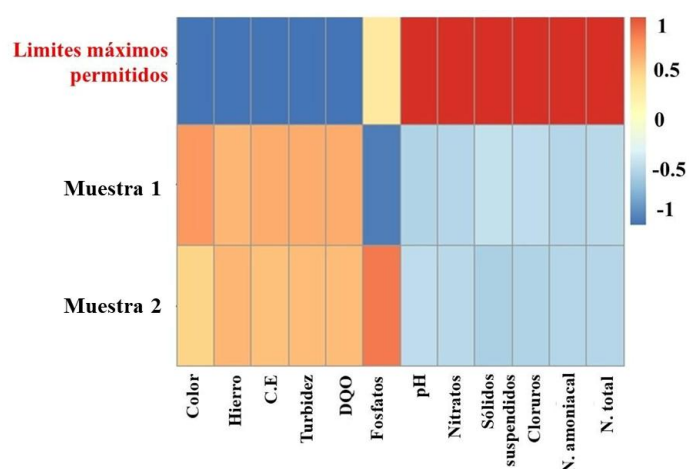


Figura 1. Comparación de los límites máximos permitidos para cada uno de los parámetros analizados en las dos muestras.

El alto contenido de nitratos afecta la capacidad de la sangre para transportar el oxígeno. Mientras, un alto contenido de Fe se asocia a envenenamiento crónico, embolia pulmonar, daño nervioso, bronquitis, impotencia, parkinsonismo, cáncer de piel y otros problemas cardiovasculares, hematológicos, neuronales, renales y respiratorios. También se relaciona con problemas digestivos y desequilibrio nutricional. Por otra parte, un consumo continuo de agua con niveles elevados de cloruros puede provocar desbalance electrolítico en el cuerpo y causar problemas renales (Arhin et al., 2023).

Caracterización fenotípica y bioquímica de los aislados

Las cepas YEH_1A, YEH_2A, YEH_3A, YEH_4A, YEH_5A, YEH_1B, YEH_2B, YEH_3B, YEH_4B, YEH_5B fueron identificadas como Gram positivas.

Las colonias presentaron un tamaño de 1 a 2 mm, la forma fue circular, el borde entero, la elevación convexa, la superficie lisa, la consistencia y el color cremoso, la luz transmitida fue traslúcida y la luz reflejada fue brillante.

Las características bioquímicas se muestran en la Tabla 3. Estos indicaron que las diez cepas analizadas no pueden fermentar glucosa, lactosa y sacarosa para la producción de CO₂ (TSI). Tampoco pueden utilizar las vías de fermentación mixta y de butanodiol (MR/VP). Además, su maquinaria enzimática carece de citrato permeasa (CS), lisina descarboxilasa, lisina desaminasa (LIA), triptofanasa (SIM) y ornitina descarboxilasa (MIO).

Tabla 3. Caracterización Bioquímica de los aislados

Prueba bioquímica	Aislados									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
TSI	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CS	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
LIA	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SIM	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
MIO	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
OF	+/+	+/+	+/+	+/+	+/-	+/+	+/-	+/+	+/+	+/+
MR/VP	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
1: YEH_1A, 2: YEH_2A, 3: YEH_3A, 4: YEH_4A, 5: YEH_5A, 6: YEH_1B, 7: YEH_2B, 8: YEH_3B, 9: YEH_4B, 10: YEH_5B. -: negative, +: positive TSI: Hierro de Triple Azúcar, CS: Agar Citrato de Simmons, LIA: Agar Lisina Hierro, SIM: Medio Semi Sólido, MIO: Medio de Motilidad Indol, OF: Oxidación Fermentación, MR/VP: Prueba Rojo de metilo/ Voges Proskauer.										

En contraste, todas las cepas son capaces de llevar a cabo la fermentación y oxidación de glúcidos, a excepción de YEH_2B que solo mostró capacidad fermentativa (OF). Esto sugiere que el metabolismo de las cepas YEH_1A, YEH_2A, YEH_3A, YEH_4A, YEH_5A, YEH_1B, YEH_2B, YEH_3B, YEH_4B, YEH_5B está adaptado a condiciones aerobias y anaerobias, utilizando oxígeno y compuestos orgánicos como aceptores de electrones, respectivamente. Dichas particularidades metabólicas parecen desempeñar un rol importante para los ciclos biogeoquímicos y la dinámica de los diferentes iones y moléculas presentes en este tipo de ambientes (Gan et al., 2020), (Glodowska et al., 2021), (Stopelli et al., 2021).

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR

Los análisis de las secuencias del gen 16 S ARNr demostraron que las cepas YEH_1A, YEH_2A, YEH_4A, YEH_5A, YEH_3B, YEH_4B, YEH_5B se agrupan con bacterias del género *Bacillus*. Las cepas YEH_1B y YEH_2B corresponden a bacterias del género *Mycobacterium*. Mientras que, YEH_3A fue agrupada con *Lactiplantibacillus*.

Las cepas YEH_2A, YEH_5B, YEH_3B, YEH_5A, YEH_1A y YEH_4B mostraron porcentajes de identidad del 93.50 %, 95.89 %, 96.45 %, 97.14 %, 93.13 % y 92.99 % con *Bacillus* sp. IRHB1-70 respectivamente. Para YEH_4A se encontró un 96.15 % de identidad con *Bacillus yunxiaonesis* 53711. Mientras que, para YEH_3A fue de 96.63% con *Lactiplantibacillus plantarum* MRS1. Finalmente, las cepas YEH_1B y YEH_2B fueron asociadas con *Mycobacterium kyogaense* NCTC con 97.12 % y 97.56% de identidad.

El análisis filogenético se muestra en la Figura 2. Este evidenció la formación de dos grandes clados. El primero entre *Bacillus* YEH_2A, *Bacillus* YEH_5B, *Bacillus* YEH_3B, *Bacillus* YEH_5A, *Bacillus* YEH_1A, *Bacillus* YEH_4B y *Bacillus* sp. IRHB1-70. El Segundo entre *Mycobacterium* YEH_1B, *Mycobacterium* YEH_2B y *Mycobacterium kyogaense* NCTC. Un tercer clado entre *Lactiplantibacillus plantarum* YEH_3A y *Lactiplantibacillus plantarum* MRS1. Así como, un último clado entre *Bacillus yunxiaonesis* YEH_4A y *Bacillus yunxiaonesis* 53711.

La formación de los diferentes clados y subclados puede ser explicado por las particularidades genómicas y metabólicas de cada una de las cepas estudiadas. Las distintas especies de *Bacillus* presentan elementos genéticos móviles como resultado de la transferencia horizontal de genes, contribuyendo a la plasticidad genómica. Así mismo, utilizan diferentes monosacáridos, disacáridos, polisacáridos, aminoácidos y ácidos orgánicos como fuente de energía (Wu et al., 2021). Pueden presentar respiración aerobia o anaerobia (Fu et al., 2021), (Dobrzyński et al., 2023).

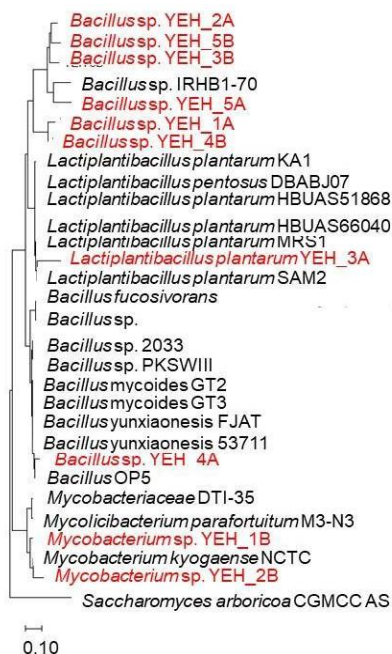


Figura 2. Árbol de unión de vecinos derivado del análisis de las secuencias del gen 16S ARNr que muestra la relación entre las cepas aisladas con otras especies de los géneros *Bacillus*, *Lactiplantibacillus* y *Mycobacterium*. *Saccharomyces arboricoa* CGMCC AS Se utilizó como grupo externo.

Mientras que, las especies de *Lactiplantibacillus* contienen genes que codifican transportadores de azúcares, así como sistemas especializados que les permiten adaptarse a diversas condiciones fisicoquímicas. Además, son bacterias heterofermentativas que utilizan las vías glucolíticas de Embden-Meyerhof-Parnas y la de fosfoacetolasa (Liu et al., 2024) (Li & Bi, 2025).

Para las bacterias del género *Mycobacterium* se ha reportado la presencia de genes asociados a la adquisición de hierro y la virulencia. Tienen la capacidad de metabolizar diferentes fuentes de carbono, ácidos grasos y colesterol, y pueden adaptar su metabolismo durante los procesos de infección (Zhu et al., 2023), (Shimada et al., 2025).

CONCLUSIONES

Los resultados del estudio revelan una realidad innegable: las aguas residuales están contaminadas, superando con creces los límites permitidos por la normativa mexicana. Esto significa que el sistema de tratamiento de aguas residuales no está funcionando como

debería, y el agua que sale de él está poniendo en riesgo el medio ambiente y nuestra salud. Ahora es momento de revisar y mejorar este sistema, para asegurarse de que se está haciendo todo lo posible para proteger los recursos hídricos y la salud de los habitantes.

REFERENCIAS

- Adjovu, G., Stephen, H., James, D., & Ahmad, S. (2023). Measurement of total dissolved solids and total suspended solids in water systems. *Remote Sensing*, 15(14), 1–43.
- Arhin, E., Osei, J. D., Anima, P. A., Afari, P. D., & Yevugah, L. L. (2023). The pH of Drinking Water and Its Human Health Implications: A Case of Surrounding Communities in the Dormaa Central Municipality of Ghana. *Journal Healthcare Treatment Development*, 41, 15–26. <https://doi.org/10.55529/jhtd.41.15.26>
- Boumaiza, L., Walter, J., Chesnaux, R., Stotler, R. L., Wen, T., Johannesson, K. H., Brindha, K., & Huneau, F. (2022). Chloride-salinity as indicator of the chemical composition of groundwater: empirical predictive model based on aquifers in Southern Quebec, Canada. *Environmental Science and Pollution Research*, 29(39), 59414–59432. <https://doi.org/10.1007/s11356-022-19854-z>
- Dobrzyński, J., Wróbel, B., & Górska, E. B. (2023). Taxonomy, Ecology, and Cellulolytic Properties of the Genus *Bacillus* and Related Genera. *Agriculture (Switzerland)*, 13(10). <https://doi.org/10.3390/agriculture13101979>
- Fu, X., Gong, L., Liu, Y., Lai, Q., Li, G., & Shao, Z. (2021). *Bacillus pumilus* Group Comparative Genomics: Toward Pangenome Features, Diversity, and Marine Environmental Adaptation. *Frontiers in Microbiology*, 12(May), 1–16. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.571212>
- Gan, S., Schmidt, F., Heuer, V. B., Goldhammer, T., Witt, M., & Hinrichs, K. U. (2020). Impacts of redox conditions on dissolved organic matter (DOM) quality in marine sediments off the River Rhône, Western Mediterranean Sea. *Geochimica et Cosmochimica Acta*, 276, 151–169. <https://doi.org/10.1016/j.gca.2020.02.001>
- Gao, Z., Weng, H., & Guo, H. (2021). Unraveling influences of nitrogen cycling on arsenic enrichment in groundwater from the Hetao Basin using geochemical and multi-isotopic approaches. *Journal of Hydrology*, 595(December 2020), 125981. <https://doi.org/10.1016/j.jhydrol.2021.125981>
- Glodowska, M., Schneider, M., Eiche, E., Kontny, A., Neumann, T., Straub, D., Berg, M., Prommer, H., Bostick, B. C., Nghiem, A. A., Kleindienst, S., & Kappler, A. (2021). Fermentation, methanotrophy and methanogenesis influence sedimentary Fe and As dynamics in As-affected aquifers in Vietnam. *Science of the Total Environment*, 779(March), 146501. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.146501>
- Hall TA (1999) BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symp Ser* 41:95–98
- Inam, E., G. Inoh, G., O. Offiong, N.-A., & B. Etim, B. (2017). Physicochemical Characteristics and Health Risk Assessment of Drinking Water Sources in Okoroette Community, Eastern Coast of Nigeria. *American Journal of Water Resources*, 5(1), 13–23. <https://doi.org/10.12691/ajwr-5-1-3>

- Islam, M. S., & Mostafa, M. G. (2023). Occurrence, Source, and Mobilization of Iron, Manganese, and Arsenic Pollution in Shallow Aquifer. *Geofluids*, 2023. <https://doi.org/10.1155/2023/6628095>
- Jones, D. (1981). Terminology, Etiology,. *Journal of Clinical Pathology*, 34(9), 185–189. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC494262/>
- Kılıç, Z. (2020). The importance of water and conscious use of water. *International Journal of Hydrology*, 4(5), 239–241. <https://doi.org/10.15406/ijh.2020.04.00250>
- Kumar S, Stecher G, Li M, Knyaz C, Tamura K (2018) MEGA X: molecular evolutionary genetics analysis across computing plat forms. *Mol Biol Evol* 35:1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Lamontagne, S., Cosme, F., Minard, A., & Holloway, A. (2018). Nitrogen attenuation, dilution and recycling in the intertidal hyporheic zone of a subtropical estuary. *Hydrology and Earth System Sciences*, 22(7), 4083–4096. <https://doi.org/10.5194/hess-22-4083-2018>
- Li, R., & Bi, C. (2025). Comparative Genomic Analysis of *Lactiplantibacillus plantarum*: Insights into Its Genetic Diversity, Metabolic Function, and Antibiotic Resistance. *Genes*, 16(8), 1–15. <https://doi.org/10.3390/genes16080869>
- Liu, Y., Wang, S., Wang, L., Lu, H., Zhang, T., & Zeng, W. (2024). Characterization of Genomic, Physiological, and Probiotic Features of *Lactiplantibacillus plantarum* JS21 Strain Isolated from Traditional Fermented Jiangshui. *Foods*, 13(7). <https://doi.org/10.3390/foods13071082>
- Mishra, A. P., Kumar, S., Patra, R., Kumar, A., Sahu, H., Chandra, N., Pande, C. B., & Alshehri, F. (2023). Physicochemical Parameters of Water and Its Implications on Avifauna and Habitat Quality. *Sustainability (Switzerland)*, 15(12). <https://doi.org/10.3390/su15129494>
- Musalem-Castillejos, K., Laino-Guanes, R., Bello-Mendoza, R., González-Espinoza, M., & Ramírez-Marcial, N. (2018). Water quality of the Grijalva river in the Chiapas and Tabasco border. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, 5(13), 55–64. <https://doi.org/10.19136/era.a5n13.1334>
- Ortiz-Cortés, L. Y., Ventura-Canseco, L. M. C., Abud-Archila, M., Ruiz-Valdiviezo, V. M., Velázquez-Ríos, I. O., & Alvarez-Gutiérrez, P. E. (2021). Evaluation of temperature, pH and nutrient conditions in bacterial growth and extracellular hydrolytic activities of two *Alicyclobacillus* spp. strains. *Archives of Microbiology*, 203(7), 4557–4570. <https://doi.org/10.1007/s00203-021-02332-4>
- Pulido-Velazquez, D., Baena-Ruiz, L., Fernandes, J., Arnó, G., Hinsby, K., Voutchkova, D. D., Hansen, B., Retike, I., Bikše, J., Collados-Lara, A. J., Camps, V., Morel, I., Grima-Olmedo, J., & Luque-Espinar, J. A. (2022). Assessment of chloride natural background levels by applying statistical approaches. *Analyses of European coastal aquifers in different environments. Marine Pollution Bulletin*, 174. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2021.113303>
- Saitou N, Nei M (1987) The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 4:406–425. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>
- Salih, S. Q., Alakili, I., Beyaztas, U., Shahid, S., & Yaseen, Z. M. (2021). Prediction of dissolved oxygen, biochemical oxygen demand, and chemical oxygen demand using hydrometeorological variables: case study of Selangor River, Malaysia. *Environment, Development and Sustainability*, 23(5), 8027–

8046. <https://doi.org/10.1007/s10668-020-00927-3>
- Shi, Z., Xi, L., Gao, S. L., Shi, Z. Y., Wang, X. T., Ye, Z., & Cheng, P. (2025). Effects of drinking slightly acidic electrolyzed water on the growth health, blood physiology, and intestinal development in mice. *Scientific Reports*, 15(1), 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-91614-8>
- Shimada, S., Aoki, K., Shiozawa, A., Nakai, R., Fujiwara, N., Komori, K., Kudoh, S., Imura, S., Ishii, Y., & Tateda, K. (2025). Characterization of *Mycobacterium antarcticum* sp. nov., a psychrotolerant member of the genus *Mycobacterium* isolated from Antarctic soil. *Scientific Reports*, 15(1), 34231. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-16147-6>
- Sofi, M. H., Gudi, R., Karumuthil-Meilethil, S., Perez, N., Johnson, B. M., & Vasu, C. (2014). PH of drinking water influences the composition of gut microbiome and type 1 diabetes incidence. *Diabetes*, 63(2), 632–644. <https://doi.org/10.2337/db13-0981>
- Stopelli, E., Duyen, V. T., Prommer, H., Glodowska, M., Kappler, A., Schneider, M., Eiche, E., Lightfoot, A. K., Schubert, C. J., Trang, P. K. T., Viet, P. H., Kipfer, R., Winkel, L. H. E., & Berg, M. (2021). Carbon and methane cycling in arsenic-contaminated aquifers. *Water Research*, 200, 117300. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2021.117300>
- Whipple, B., Agar, J., Zhao, J., Pearce, D. A., & Kovács, A. D. (2021). The acidified drinking water-induced changes in the behavior and gut microbiota of wild-type mice depend on the acidification mode. *Scientific Reports*, 11(1), 1–15. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-82570-0>
- Wolf, K. J., Daft, J. G., Tanner, S. M., Hartmann, R., Khafipour, E., & Lorenz, R. G. (2014). Consumption of Acidic Water Alters the Gut Microbiome and Decreases the Risk of Diabetes in NOD Mice. *Journal of Histochemistry and Cytochemistry*, 62(4), 237–250. <https://doi.org/10.1369/0022155413519650>
- Wu, X., Wu, H., Wang, R., Wang, Z., Zhang, Y., Gu, Q., Farzand, A., Yang, X., Semenov, M., Borris, R., Xie, Y., & Gao, X. (2021). Genomic features and molecular function of a novel stress-tolerant *Bacillus halotolerans* strain isolated from an extreme environment. *Biology*, 10(10). <https://doi.org/10.3390/biology10101030>
- Xu, D., Ling, H., Li, Z., Li, Y., Chen, R., Cai, S., & Gao, B. (2022). Treatment of Ammonium-Nitrogen-Contaminated Groundwater by Tidal Flow Constructed Wetlands Using Different Substrates: Evaluation of Performance and Microbial Nitrogen Removal Pathways. *Water, Air, and Soil Pollution*, 233(5), 1–13. <https://doi.org/10.1007/s11270-022-05633-6>
- Yang, X., Liang, S., Hu, J., & Xia, J. (2021). Application Analysis of Conductivity in Drinking Water Quality Analysis. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 784(1). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/784/1/012028>
- Zhao, J., Zhang, F., Chen, S., Wang, C., Chen, J., Zhou, H., & Xue, Y. (2020). Remote Sensing Evaluation of Total Suspended Solids Dynamic with Markov Model : A Case Study of. *Sensor MDPI*, 20, 6991.
- Zhu, X., Lu, Q., Li, Y., Long, Q., Zhang, X., Long, X., & Cao, D. (2023). Contraction and expansion dynamics: deciphering genomic underpinnings of growth rate and pathogenicity in *Mycobacterium*. *Frontiers in Microbiology*, 14(November). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1292897>

Valledor L, Escandón M, Meijón M, Nukarinen E, Cañal MJ, Weckwerth W. A universal protocol for the combined isolation of metabolites, DNA, long RNAs, small RNAs, and proteins from plants and microorganisms. *Plant J* 2014; 79(1):173-180.

Wolf, K. J., Daft, J. G., Tanner, S. M., Hartmann, R., Khafipour, E., & Lorenz, R. G. (2014). Consumption of Acidic Water Alters the Gut Microbiome and Decreases the Risk of Diabetes in NOD Mice. *Journal of Histochemistry and Cytochemistry*, 62(4), 237–250.
<https://doi.org/10.1369/0022155413519650>

Xu, D., Ling, H., Li, Z., Li, Y., Chen, R., Cai, S., & Gao, B. (2022). Treatment of Ammonium-Nitrogen-Contaminated Groundwater by Tidal Flow Constructed Wetlands Using Different Substrates: Evaluation of Performance and Microbial Nitrogen Removal Pathways. *Water, Air, and Soil Pollution*, 233(5), 1–13.
<https://doi.org/10.1007/s11270-022-05633-6>

Yang, X., Liang, S., Hu, J., & Xia, J. (2021). Application Analysis of Conductivity in Drinking Water Quality Analysis. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 784(1).
<https://doi.org/10.1088/1755-1315/784/1/012028>

Zhao, J., Zhang, F., Chen, S., Wang, C., Chen, J., Zhou, H., & Xue, Y. (2020). Remote Sensing Evaluation of Total Suspended Solids Dynamic with Markov Model : A Case Study of. *Sensor* MDPI, 20, 6991.