



**UNIVERSIDAD NACIONAL PEDRO RUIZ GALLO
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE BIOLOGÍA -
MICROBIOLOGÍA - PARASITOLOGÍA**



Capacidad inhibitoria de bacterias marinas sobre cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* aisladas del Dren 4000, Santa Rosa – Lambayeque, 2025

TESIS

**Presentada para optar el Título Profesional de Licenciado (a) en Ciencias Biológicas
- Microbiología - Parasitología**

Autores

Bach. Samame Suclupe Yaira Karina

Bach. Vásquez Olivera Linder Mackkey

Asesor

MSc. Carrasco Solano Fransk Amarildo

LAMBAYEQUE – PERÚ

12 de Mayo del 2026

Capacidad inhibitoria de bacterias marinas sobre cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* aisladas del Dren 4000, Santa Rosa – Lambayeque, 2025



Bach. Samame Suclupe Yaira Karina

Autora



Bach. Vásquez Olivera Linder Mackkey

Autor

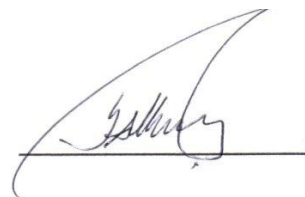
TESIS

Presentada para optar el Título Profesional de Licenciado (a) en Ciencias Biológicas
- Microbiología - Parasitología

APROBADO POR:

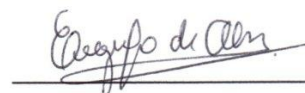
Dra. Albino Cornejo Graciela Olga

Presidenta



Dra. Angulo De Alva Elsa Violeta

Secretaria



MSc. Chaname Cespedes Jorge Luis

Vocal



MSc. Fransk Amarildo Carrasco Solano

Asesor





UNIVERSIDAD NACIONAL PEDRO RUIZ GALLO
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNIDAD DE INVESTIGACIÓN



ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS N° 34-2026 / FCCBB-UI

Siendo las 11:10 horas del día 12 de mayo de 2026, en la Sala de Sesiones - Sustentaciones de la Facultad de Ciencias Biológicas se reunieron los miembros del Jurado designado mediante **Resolución N° 364-2024-VIRTUAL-FCCBB/D de fecha 11 de octubre de 2024 y aprobado mediante Resolución N° 052-2025-FCCBB/D, de fecha 13 de febrero de 2025**, conformado por:

Dra. Graciela Olga Albino Cornejo-Presidenta
Dra. Elsa Violeta Angulo de Alva-Secretaria
Mg. Jorge Luis Chanamé Céspedes-Vocal
Mg. Fransk Amarildo Carrasco Solano-Asesor

con la finalidad de evaluar la sustentación de tesis titulada: **Capacidad inhibitoria de bacterias marinas sobre cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* aisladas del Dren 4000, Santa Rosa -Lambayeque 2025**, a cargo de los Bachilleres **YAIRA KARINA SAMAME SUCLUPE Y LINDER MACKKEY VÁSQUEZ OLIVERA**.

Sustentación autorizada mediante **RESOLUCIÓN N°164-2026-FCCBB-D, de fecha 11 de mayo de 2026** la misma que tuvo una duración de 30 minutos y luego de absueltas las preguntas y observaciones de los miembros del jurado; se procedió a la calificación respectiva, obteniendo 17 puntos que equivale al calificativo de BUENO.

Por lo que los sustentantes quedan **APTOS** para obtener el Título Profesional de **Licenciado (a) en Ciencias Biológicas - Microbiología- Parasitología** de acuerdo con la Ley Universitaria 30220 y la normatividad vigente de la Facultad de Ciencias Biológicas y la Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo.

Siendo las 12:10 horas se dio por concluido el presente acto académico, dándose conformidad al presente acto, con la firma de los miembros del jurado.

Dra. Graciela Olga Albino Cornejo
Presidenta

Dra. Elsa Violeta Angulo de Alva
Secretaria

Mg. Jorge Luis Chanamé Céspedes
Vocal

Mg. Fransk Amarildo Carrasco Solano
Asesor

CONSTANCIA DE VERIFICACIÓN DE ORIGINALIDAD

Yo, **MSc. Carrasco Solano, Fransk Amarildo** usuario revisor del informe de tesis titulado: **Capacidad inhibitoria de bacterias marinas sobre cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* aisladas del Dren 4000, Santa Rosa – Lambayeque, 2025.** Cuyos autores son: **Bach. Samame Suclupe Yaira Karina** con DNI: 74464722 y **Bach. Vásquez Olivera Linder Mackkey** con DNI: 73227874, declaro que la evaluación realizada por el Programa informático, ha arrojado un porcentaje de similitud de **17 %**, verificable en el Resumen de Reporte automatizado de similitudes que se acompaña.

El suscrito analizó dicho reporte y concluyó que cada una de las coincidencias detectadas dentro del porcentaje de similitud permitido no constituyen plagio y que el documento cumple con la integridad científica y con las normas para el uso de citas y referencias establecida en los protocolos respectivos. Se cumple con adjuntar el Recibo Digital a efectos de la trazabilidad respectiva del proceso.

Lambayeque, 10 de enero del 2026



Fransk A. Carrasco Solano
MICROBIOLOGO PARASITOLOGO.
...DOCENTE UNPRG - FCCBB.
C.B.P. 9545

MSc. Carrasco Solano, Fransk Amarildo

ASESOR

Capacidad inhibitoria de bacterias marinas sobre cepas de Escherichia coli y Pseudomonas aeruginosa aisladas del Dren 4000 , Santa Rosa – Lambayeque, 2025

INFORME DE ORIGINALIDAD

17 %	17 %	4 %	4 %
INDICE DE SIMILITUD	FUENTES DE INTERNET	PUBLICACIONES	TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	hdl.handle.net Fuente de Internet	4 %
2	repositorio.udl.edu.pe Fuente de Internet	2 %
3	repositorio.unprg.edu.pe Fuente de Internet	1 %
4	Submitted to Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo Trabajo del estudiante	1 %
5	eprints.uanl.mx Fuente de Internet	1 %
6	docslide.us Fuente de Internet	1 %
7	hidrobiologica.izt.uam.mx Fuente de Internet	1 %
8	uaeh.redalyc.org Fuente de Internet	<1 %
9	www.repositoriodigital.ipn.mx Fuente de Internet	<1 %
10	repositorio.ucv.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
11	revistas.uv.cl Fuente de Internet	<1 %
12	bibliometria.ucm.es Fuente de Internet	<1 %
13	repositorio.unfv.edu.pe Fuente de Internet	<1 %


F. Carrasco Solano
 MICROBIOLOGO PARASITOLOGO,
 DOCENTE UNPRG - FCCBIL
 C.B.P. 9545

14	Submitted to Universidad Nacional Daniel Alcides Carrion Trabajo del estudiante	<1 %
15	repositorio.cucba.udg.mx:8080 Fuente de Internet	<1 %
16	dspace.unitru.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
17	Gloria Holguín Martínez. "Memorias del XI Congreso Colombiano de Fitoquímica", Vitae, 2011 Publicación	<1 %
18	oldri.ues.edu.sv Fuente de Internet	<1 %
19	repositorio.upsc.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
20	Submitted to University of Arkansas, Fayetteville Trabajo del estudiante	<1 %
21	repositorio.urp.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
22	repositorio.ucsg.edu.ec Fuente de Internet	<1 %
23	www.clubensayos.com Fuente de Internet	<1 %
24	repositorio.umariana.edu.co Fuente de Internet	<1 %
25	www.vircell.com Fuente de Internet	<1 %
26	Submitted to Universidad Nacional de Trujillo Trabajo del estudiante	<1 %
27	alicia.concytec.gob.pe Fuente de Internet	<1 %
28	repositorio.unc.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
29	Yuly Bernal-Rosas, Karen Osorio-Muñoz, Orlando Torres-García. "Pseudomonas	<1 %


 Fredy A. Carrasco Solano
 MICROBIOLOGO PARASITÓLOGO
 ... DOCENTE UNPRO - FCBU
 C.B.R. 9345

aeruginosa: an emerging nosocomial trouble
in veterinary", Revista MVZ Córdoba, 2015

Publicación

30	mriuc.bc.uc.edu.ve Fuente de Internet	<1 %
31	vdocuments.com.br Fuente de Internet	<1 %
32	doczz.es Fuente de Internet	<1 %
33	transparencia.unsaac.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
34	vsip.info Fuente de Internet	<1 %
35	A.P. Das, L.B. Sukla, N. Pradhan, S. Nayak. "Manganese biomining: A review", Bioresource Technology, 2011 Publicación	<1 %
36	journals.unihaz.ac.id Fuente de Internet	<1 %


Fabian A. Carrasco Solano
MICROBIOLOGO PARASITOLOGO
... DOCENTE UHPRO - FCCBB
C.B.P. 9545

Excluir citas Activo Excluir coincidencias < 15 words
Excluir bibliografía Activo



Recibo digital

Este recibo confirma que su trabajo ha sido recibido por Turnitin. A continuación podrá ver la información del recibo con respecto a su entrega.

La primera página de tus entregas se muestra abajo.

Autor de la entrega: Samame Suclupe Yaira Karina Y Vásquez Olivera Linder Mackk...
Título del ejercicio: Quick Submit
Título de la entrega: Capacidad inhibitoria de bacterias marinas sobre cepas de Esc...
Nombre del archivo: TESIS_FINAL_-_LINDER_Y_KARINA.docx
Tamaño del archivo: 6.16M
Total páginas: 55
Total de palabras: 10,878
Total de caracteres: 64,318
Fecha de entrega: 13-ene-2026 08:58a. m. (UTC-0500)
Identificador de la entrega: 2856160642



DEDICATORIA

En primer lugar, agradezco a Dios, por darme la fortaleza, la sabiduría y la paciencia necesarias para culminar esta etapa tan importante de mi vida. A mis queridos padres, Jorge y Teodolinda, por su amor incondicional, por su esfuerzo y sacrificio incansable, por enseñarme con su ejemplo el verdadero valor de la perseverancia y la dedicación. Todo lo que soy y lo que he logrado se lo debo a ustedes

Bach. Samame Suclupe Yaira Karina

A Dios, por el don de la vida, por iluminar mi camino y darme la fortaleza necesaria para superar las dificultades. A mis padres, Eleuterio y Adriana, por su amor, compañía y constante apoyo; en especial a mi madre, por sus consejos sabios y su amor incondicional, que han sido guía y motivación en cada paso. A mi compañera de tesis, Karina Samame Suclupe, por su amistad y apoyo en los momentos más difíciles de este proyecto y en todo el recorrido académico, que con su compañía se hizo más llevadero y gratificante.

Bach. Vásquez Olivera Linder Mackkey

AGRADECIMIENTO

A Dios, por la fortaleza y sabiduría otorgadas para culminar con éxito este trabajo de investigación. A mis padres, Jorge y Teodolinda, por su esfuerzo, sacrificio y constante apoyo, que han sido fundamentales en mi formación personal y profesional. A mi familia, por su confianza y respaldo en cada etapa de este proceso. Al MSc. Fransk Amarildo Carrasco Solano, por su orientación y asesoría en el desarrollo de esta tesis, contribuyendo con sus valiosos conocimientos a la consolidación de este estudio. A los miembros del jurado, por su disposición, tiempo y aportes académicos que enriquecieron la calidad de este trabajo. A mis amigos, por haber compartido conmigo experiencias significativas durante la etapa universitaria.

Bach. Samame Suclupe Yaira Karina

A Dios, por el don de la vida, su guía y fortaleza en cada etapa de este camino académico. A mis padres, Eleuterio y Adriana, por su amor, apoyo y ejemplo de perseverancia; en especial a mi madre, por sus consejos y motivación constante. Al MSc. Fransk Amarildo Carrasco Solano, por su orientación, confianza y compromiso durante el desarrollo de este trabajo. A mi familia y amigos, por sus palabras de aliento y por estar presentes en este proceso, haciéndolo más llevadero y significativo, recordando siempre que los grandes logros se alcanzan mejor cuando se comparten con quienes amamos.

Bach. Vásquez Olivera Linder Mackkey

ÍNDICE GENERAL

DEDICATORIA	ix
AGRADECIMIENTO	x
ÍNDICE GENERAL.....	xi
ÍNDICE DE TABLAS.....	xii
ÍNDICE DE FIGURAS.....	xiii
RESUMEN	xiv
ABSTRACT	xv
INTRODUCCIÓN	1
CAPÍTULO I. DISEÑO TEÓRICO	4
1 1. Antecedentes.....	4
1.2 Bases teóricas.....	8
CAPÍTULO 2. DISEÑO METODOLÓGICO.....	12
2.1. Tipo y Diseño de contrastación de hipótesis.....	12
2.2. Población, Muestra y Criterios de Selección Población.....	12
2.3. Técnicas, Instrumentos, Equipos y Materiales de Recolección de Datos.....	13
2.4. Aspectos Éticos.....	16
CAPÍTULO 3. RESULTADOS.....	17
CAPÍTULO 4 : DISCUSIÓN	22
CONCLUSIONES	27
RECOMENDACIONES	28
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	29
ANEXOS	35

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1 Cepas de Escherichia coli y Pseudomonas aeruginosa aisladas del dren 4000 , Santa Rosa - Lambayeque 2025.....	17
Tabla 2 Identificación de bacterias marinas con capacidad inhibitoria aisladas de la playa Santa Rosa - Lambayeque 2025.....	18
Tabla 3 Bacterias marinas que presentan capacidad inhibitoria frente a Escherichia coli aisladas del dren 4000, Santa Rosa - Lambayeque 2025.....	19
Tabla 4 Bacterias marinas que presentan capacidad inhibitoria frente a Pseudomonas aeruginosa aisladas del dren 4000, Santa Rosa - Lambayeque 2025.....	20
Tabla 5 Capacidad inhibitoria de bacterias marinas frente a cepas de Escherichia coli y Pseudomonas aeruginosa aisladas del dren 4000, Santa Rosa - Lambayeque, 2025, determinada mediante la medición del promedio del halo de inhibición	21

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1 : Halos de inhibición de <i>Escherichia coli</i> aisladas del dren 4000, Santa Rosa – Lambayeque, 2025, frente a bacterias marinas.....	21
Figura 2 : Halos de inhibición de <i>Pseudomonas aeruginosa</i> aisladas del dren 4000, Santa Rosa – Lambayeque, 2025, frente a bacterias marinas.....	22
Figura 3: Desembocadura del Dren 4000.....	38
Figura 4: Zona de muestreo en el mar de la caleta Santa Rosa y desembocadura del Dren 4000.....	39
Figura 5: Toma de muestra en la desembocadura del Dren 4000.....	41
Figura 6: Toma de pH, temperatura y almacenamiento de las muestras.....	41
Figura 7: Toma de muestra de agua de mar.....	42
Figura 8: Medición y marcaje de los zonas y puntos para la toma de muestra.....	42
Figura 9: Aislamiento e identificación de <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	43
Figura 10: Aislamiento e identificación de <i>E. coli</i>	44
Figura 11: Siembra y aislamiento de Bacterias marinas.....	45

RESUMEN

La descarga constante de aguas residuales urbanas e industriales en cuerpos receptores ha favorecido la presencia y persistencia de bacterias como *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*, algunas con resistencia a antibióticos convencionales. Este estudio tuvo como objetivo determinar la capacidad inhibitoria de bacterias marinas frente a estas cepas aisladas del Dren 4000, ubicado en la playa Santa Rosa, Lambayeque, en 2025. La investigación se desarrolló con un enfoque descriptivo, diseño no experimental y corte transversal. La población estuvo constituida por bacterias marinas de agua de mar y bacterias aisladas del drenaje, mientras que la muestra incluyó 36 unidades de agua de mar recolectadas en tres zonas distribuidas a ambos lados del punto de descarga del Dren 4000. Las muestras fueron procesadas mediante diluciones seriadas y siembra en agar marino, identificándose los aislamientos mediante tinción de Gram y pruebas bioquímicas. La capacidad inhibitoria se evaluó mediante el método de doble capa y difusión en agar frente a

E. coli y *P. aeruginosa*. Los resultados evidenciaron que *E. coli* predominó sobre *P. aeruginosa* en los puntos de muestreo del drenaje, especialmente en DREN 04, 02 y 05. De las 35 bacterias marinas aisladas, el 74,3 % presentó actividad inhibitoria frente a *E. coli* y el 51,4 % frente a *P. aeruginosa*. Los géneros *Streptomyces*, *Bacillus* y *Vibrio* mostraron la mayor actividad antagonista, destacando *Bacillus sp.* por inhibir todas sus cepas frente a ambas bacterias y *Streptomyces sp.* por generar los mayores halos de inhibición. Se concluye que las bacterias marinas de la playa Santa Rosa constituyen una fuente prometedora de metabolitos antimicrobianos naturales, con potencial aplicación en biocontrol ambiental y desarrollo de nuevas estrategias contra bacterias resistentes en ambientes acuáticos.

Palabras clave: Capacidad inhibitoria, Bacterias marinas, *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*.

ABSTRACT

The constant discharge of urban and industrial wastewater into receiving water bodies has favored the presence and persistence of bacteria strains such as *Escherichia coli* and *Pseudomonas aeruginosa*, some of which exhibit resistance to conventional antibiotics. This study aimed to determine the inhibitory capacity of marine bacteria against these strains isolated from Dren 4000, located at Santa Rosa Beach, Lambayeque, in 2025. The research was conducted using a descriptive approach, non-experimental design, and cross-sectional methodology. The study population consisted of marine bacteria from seawater and bacteria strains from the drainage, while the sample included 36 seawater units collected from three zones on both sides of the Dren 4000 discharge point. Samples were processed using serial dilutions and plating on marine agar, with isolates identified through Gram staining and biochemical tests. The inhibitory capacity was evaluated using the double-layer and agar diffusion methods against *E. coli* and *P. aeruginosa*. Results showed that *E. coli* predominated over *P. aeruginosa* at the drainage sampling points, especially at DREN 04, 02, and 05. Of the 35 marine bacterial isolates, 74,3 % exhibited inhibitory activity against *E. coli* and 51,4 % against *P. aeruginosa*. The genera *Streptomyces*, *Bacillus*, and *Vibrio* showed the highest antagonistic activity, with *Bacillus* sp. inhibiting all of its strains against both bacteria and *Streptomyces* sp. producing the largest inhibition halos. It is concluded that marine bacteria from Santa Rosa Beach constitute a promising source of natural antimicrobial metabolites, with potential applications in environmental biocontrol and the development of novel strategies against resistant bacteria in aquatic environments.

Keywords: Inhibitory capacity, Marine bacteria, *Escherichia coli* and *Pseudomonas aeruginosa*.

INTRODUCCIÓN

En las últimas décadas, la descarga sostenida de aguas residuales urbanas e industriales en cuerpos de agua receptores ha favorecido la selección y propagación de cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* con resistencia múltiple a antibióticos de uso convencional. Diversos estudios realizados en la costa norte del Perú han reportado que los drenajes de aguas residuales, como el Dren 4000 ubicado en el distrito de Santa Rosa, región Lambayeque, presentan elevados niveles de contaminación microbiológica y química, generando condiciones ambientales propicias para la persistencia y diseminación de estas bacterias resistentes. No obstante, en la zona de influencia del Dren 4000 no se dispone de investigaciones que evalúen la capacidad inhibitoria de aislamientos marinos frente a las cepas de *E. coli* y *P. aeruginosa* presentes en este sistema de drenaje (García et al., 2020).

La problemática asociada a la capacidad inhibitoria de bacterias marinas frente a cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* se enmarca en el creciente desafío que representa la resistencia a los antibióticos y la persistencia de bacterias en los ecosistemas acuáticos. Estas bacterias, reconocidas como agentes etiológicos frecuentes de infecciones en humanos y animales, constituyen una amenaza significativa para la salud pública cuando se encuentran presentes en cuerpos de agua contaminados (García et al., 2020). La contaminación de las fuentes hídricas, derivada de actividades industriales, agrícolas y domésticas, no solo deteriora la calidad del agua, sino que también favorece la supervivencia y dispersión de estos microorganismos, incrementando el riesgo de brotes epidemiológicos y dificultando el manejo clínico de las infecciones asociadas.

El océano es un ecosistema caracterizado por una elevada diversidad bacteriana, cuya estructura y dinámica están determinadas por factores naturales y actividades antropogénicas de importancia social, económica y ecológica. El ambiente marino presenta condiciones físico-químicas particulares, como alta salinidad, variaciones de pH y temperatura, y una limitada disponibilidad de nutrientes, y constituye el ecosistema más extenso del planeta, al cubrir cerca de tres cuartas partes de su superficie (Majik, 2016). Diversos estudios señalan que este entorno alberga millones de especies, aunque solo una fracción ha sido identificada, lo que refleja su considerable potencial biológico aún no explorado (Majik, 2016). En este contexto, las bacterias marinas destacan por su capacidad de producir compuestos bioactivos

con posible aplicación en estrategias de control biológico frente a bacterias como *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*. Sin embargo, la escasez de investigaciones que evalúen su actividad inhibitoria y su desempeño bajo distintas condiciones ambientales limita su aplicación.

En los ecosistemas marinos, las comunidades microbianas cumplen un rol fundamental, no solo por su elevada biomasa, sino también por su intensa actividad metabólica (Bramhachari, 2016). Estos microorganismos participan activamente en la captación y transformación de la energía solar, promoviendo procesos bioquímicos esenciales para el reciclaje y la dinámica de nutrientes y elementos traza, indispensables para la productividad oceánica. Asimismo, contribuyen a la regulación de los gases de efecto invernadero y albergan una notable diversidad genética, lo que los posiciona como una fuente relevante de compuestos bioactivos. En este contexto, se han identificado diversas cepas de bacterias marinas con capacidad para producir metabolitos secundarios, entre ellos compuestos con actividad antibacteriana, lo que resalta su potencial biotecnológico (Blanco, 2017; Fuhrman et al., 2015).

El aislamiento de cepas microbianas con propiedades antimicrobianas e incluso anticancerígenas representa una perspectiva prometedora en la búsqueda de nuevas alternativas terapéuticas para el tratamiento de infecciones causadas por microorganismos resistentes a los antibióticos (León et al., 2010). En este sentido, una de las estrategias más relevantes para enfrentar la creciente amenaza de la resistencia antimicrobiana es el aprovechamiento de microorganismos procedentes de ecosistemas marinos. Estos organismos se caracterizan por la producción de una amplia diversidad de metabolitos secundarios con capacidad para inhibir el crecimiento de otros microorganismos, lo que les confiere un alto potencial biotecnológico. Por ello, resulta fundamental profundizar en el estudio del microbiota marino y evaluar su actividad antagónica frente a bacterias resistentes, con el fin de contribuir al desarrollo de alternativas innovadoras y sostenibles para el control de infecciones.

En este contexto, la presente investigación se planteó como pregunta de investigación: ¿presentan las bacterias marinas capacidad inhibitoria frente a cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* aisladas del Dren 4000, distrito de Santa Rosa, región Lambayeque

, en el año 2025? En concordancia, el objetivo general fue Determinar la capacidad inhibitoria de bacterias marinas sobre cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* aisladas del Dren 4000, Santa Rosa - Lambayeque 2025. Asimismo, se establecieron como objetivos específicos fue Aislar cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* del Dren 4000, Santa Rosa - Lambayeque 2025, Aislar e identificar bacterias marinas aisladas de la playa Santa Rosa - Lambayeque 2025 y Determinar bacterias marinas que presentan capacidad inhibitoria frente a *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* aisladas del Dren 4000, Santa Rosa - Lambayeque 2025.

CAPÍTULO I. DISEÑO TEÓRICO

1.1. Antecedentes

Cortez (2013) realizó un estudio en los balnearios de Chichiriviche, estado Falcón, Venezuela, con el objetivo de evaluar cómo los medios de cultivo elaborados con agua de mar podían influir en la detección de indicadores de contaminación en aguas costeras. Los hallazgos permitieron organizar los microorganismos identificados en cuatro grupos según su frecuencia y distribución en las playas estudiadas. El primer grupo estuvo integrado por *Escherichia coli* y *Enterococcus faecalis*, presentes de manera constante en todos los muestreos y en cada una de las playas. El segundo grupo, registrado en tres de las cuatro playas, incluyó *Pseudomonas aeruginosa*, *Enterobacter cloacae* y *Enterobacter aerogenes*. El tercer grupo, detectado en dos playas, comprendió *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas putida*, *Pseudomonas fluorescens* y *Vibrio alginolyticus*. Finalmente, un cuarto grupo estuvo formado por especies encontradas de manera exclusiva en playas específicas, lo que refleja la heterogeneidad del microbiota costero en la zona estudiada.

Justo et al. (2014) realizaron un estudio con el objetivo de identificar los géneros bacterianos presentes en la Playa de Cantolao – La Punta. En su análisis, reportaron la presencia de diversos géneros, entre los que se encontraban *Bacillus*, *Acinetobacter*, *Photobacterium*, *Alcaligenes* y *Streptococcus* (cada uno con un 5,88%), así como *Vibrio*, *Aeromonas*, *Alteromonas* y *Chromobacterium* (cada uno con un 11,76%), y *Moraxella* (23,5 %). Los autores concluyeron que en el agua de mar predominan las bacterias Gram-negativas, mientras que las Gram-positivas se encuentran con mayor frecuencia en los suelos adyacentes, evidenciando diferencias en la composición microbiana entre distintos hábitats de la playa.

Aponte et al. (2015) llevaron a cabo un estudio para evaluar los metabolitos de *Streptomyces erythrogriseus* cepa M10-77, un actinobacteriano de origen marino, así como su actividad antimicrobiana y su potencial efecto sinérgico con antibióticos convencionales. Los resultados demostraron que dichos metabolitos presentan una elevada eficacia frente a diversas especies patógenas de *Enterococcus* y *Staphylococcus*. Asimismo, se determinó la Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) de los extractos diclorometánicos frente a los patógenos *S. aureus* 1094, *S. epidermidis* 1093 y *Staphylococcus coagulasa negativa* 348,

obteniéndose valores de 3,9, 15,7 y 1,9 $\mu\text{g/mL}$, respectivamente. En conclusión, la cepa M10-77 de *S. erythrogriseus* se identificó como un productor de metabolitos antibacterianos potentes, mostrando además una destacada actividad sinérgica con antibióticos utilizados en la práctica clínica.

Chicama (2016) llevó a cabo un estudio con el propósito de evaluar la diversidad bacteriana presente en el mar de Pimentel y su capacidad para inhibir el crecimiento de *Shigella sp.* Para ello, se seleccionaron las cepas más efectivas mediante la realización de antibiogramas, en los cuales discos impregnados con las bacterias aisladas se colocaron sobre placas de agar MacConkey inoculadas con *Shigella sp.* Los resultados mostraron que los géneros *Vibrio* (50%), *Aeromonas* (30%) y *Moraxella* (20%) presentaron un efecto inhibitorio notable, evidenciando el potencial de ciertas bacterias marinas como agentes de control biológico frente a patógenos de relevancia sanitaria.

León et al. (2016) llevaron a cabo un estudio en Perú, utilizando ejemplares adultos de *Argopecten purpuratus* recolectados en las localidades de Pisco y Pucusana (Lima), con el objetivo de aislar actinobacterias del contenido intestinal y evaluar su capacidad de producir enzimas extracelulares (EEC). De un total de 27 actinobacterias aisladas, únicamente tres cepas mostraron una actividad antagonista significativa frente a patógenos y fueron identificadas como pertenecientes al género *Streptomyces*. Estos resultados destacan el potencial de actinobacterias intestinales de organismos marinos como fuente de metabolitos bioactivos con posibles aplicaciones en el control de microorganismos patógenos.

Lim et al. (2016) desarrollaron un estudio que evidencia el potencial de cepas marinas del género *Bacillus* en la producción de bacteriocinas. Estas cepas fueron aisladas de distintos ambientes marinos, incluyendo la microbiota intestinal de organismos marinos, sedimentos y agua de mar. Los resultados mostraron que poseen diversas actividades biológicas, tales como acción amebicida, inhibición de la formación de biopelículas y propiedades bactericidas, características que resultan relevantes para aplicaciones en los sectores alimentario, farmacéutico y acuícola.

Blanco (2017) realizó un estudio para caracterizar bacterias marinas aisladas de la playa “Laguna Grande” en Paracas, Perú, con actividad antibiótica frente a *Staphylococcus aureus*

resistente a meticilina (SARM). De las 33 cepas evaluadas, únicamente dos mostraron capacidad inhibitoria significativa: *Kocuria rosea*, una bacteria Gram positiva de morfología coccoide, color rosado, forma convexa y tamaño aproximado de 51,78 μm ; y *Rapidithrix sp.*, Gram negativa, bacilar, de color crema, forma convexa y 40,8 μm de longitud. Los extractos obtenidos de estas cepas mostraron concentraciones mínimas inhibitorias (CMI) de 2,5 mg/mL para *K. rosea* y 0,63 mg/mL para *Rapidithrix sp.*, lo que evidencia su notable potencial como fuente de metabolitos antibacterianos capaces de inhibir patógenos resistentes, posicionándolas como candidatas prometedoras para el desarrollo de estrategias antimicrobianas innovadoras.

Rico (2018) realizó un estudio orientado a evaluar la producción de sustancias peptídicas bioactivas en cultivos de cepas marinas del género *Bacillus* frente a patógenos. Se seleccionaron 167 cepas de *Bacillus* y se examinó su actividad antimicrobiana mediante ensayos de difusión en agar. Los resultados revelaron la presencia de tres halos de inhibición distintos, lo que indicó que *Bacillus firmus* es capaz de sintetizar compuestos tipo bacteriocina con características similares a las descritas en otros miembros del género. Este hallazgo constituye el primer registro de producción de bacteriocinas para esta especie, destacando su potencial como fuente de metabolitos antimicrobianos marinos.

Gómez (2018), realizó un estudio con el objeto de la identificación de tres aislados bacterianos de origen marino, CB08016, CB08035 y CB08036, mediante la secuenciación de sus genes 16S rDNA, lo cual ha permitido establecer una asignación preliminar de los citados taxones a las especies *Marinobacter litoralis*, *Marinobacter hydrocarbonoclasticus* y *Roseomonas vinacea*. El extracto crudo obtenido del sobrenadante del cultivo de este microorganismo, aún no identificado, presentó actividad frente a *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853.

Cázares et al. (2019) llevaron a cabo un estudio en ecosistemas marinos con el propósito de aislar bacterias de estos ambientes y evaluar su actividad antagónica frente a patógenos. Mediante ensayos de difusión en pozo, se observó que las bacterias aisladas inhibían el crecimiento de una cepa patógena de camarón, generando halos de inhibición con diámetros que variaron entre 1 y casi 4 cm. Posteriormente, se caracterizaron bioquímica y genéticamente mediante el sistema API BioMérieux y la secuenciación del gen 16S rADN,

lo que permitió identificar los géneros *Shewanella sp.*, *Vibrio sp.* y *Bacillus sp.*, evidenciando su potencial como agentes de control biológico en ambientes marinos.

De la Fuente y Faúndez (2019) realizaron un estudio con el objetivo de evaluar la actividad de bacterias marinas aisladas de las zonas costeras de la provincia de Arauco, Chile, y su potencial como agentes de biocontrol en sistemas de cultivo artificial. Se examinó la capacidad de estas bacterias para inhibir tres patógenos asociados al cultivo de moluscos bivalvos: *Vibrio anguillarum*, *Vibrio splendidus* y *Vibrio parahaemolyticus*. De un total de 70 bacterias aisladas, tres cepas mostraron la capacidad de inhibir al menos uno de estos patógenos y, además, presentaron crecimiento en agua de mar. La caracterización fenotípica permitió clasificarlas dentro de los géneros *Vibrio* y *Pseudomonas*, resaltando su potencial como agentes de control biológico en ambientes acuáticos.

Galaviz et al. (2022) llevaron a cabo un estudio con el objetivo de identificar microorganismos marinos presentes en las costas de México con actividad antimicrobiana frente a *Staphylococcus aureus* y *Vibrio parahaemolyticus*. Mediante la secuenciación del gen 16S rRNA, se identificaron exclusivamente cepas del género *Bacillus*. Las cepas con mayor capacidad inhibitoria frente a *S. aureus* fueron *B. aerius* y *B. pumilus*, mientras que *B. pumilus*, *B. altitudinis* y *B. oryzicola* mostraron notable actividad frente a *V. parahaemolyticus*. Este estudio constituye el primer aislamiento de *B. aerius*, *B. oryzicola*, *B. safensis*, *B. boroniphilus* y *B. altitudinis* en ecosistemas marinos mexicanos, así como el primer registro de su efecto inhibitorio frente a estos patógenos.

Peña - Pelayo et al. (2022) realizaron un estudio orientado a prospectar la bioactividad de microorganismos aislados de sistemas hidrotermales someros, evaluando su capacidad para inhibir el crecimiento de microorganismos de interés en los ámbitos de la salud humana, la acuicultura y la industria. Las bacterias fueron aisladas de dos sistemas hidrotermales ubicados en Bahía Concepción y uno en El Sargento, Baja California Sur, durante las temporadas de lluvias y estiaje. La actividad antimicrobiana se evaluó mediante la técnica de difusión en pozo frente a bacterias patógenas humanas, acuícolas y formadoras de biopelículas marinas. Los resultados mostraron que el 73 % de los aislados produjo compuestos capaces de inhibir al menos uno de los microorganismos evaluados; sin embargo, solo 15 de las 36 bacterias diana presentaron antagonismo. *Photobacterium damsela* subsp.

damselae fue la especie más sensible, con inhibición por el 51 % de los aislados. En conclusión, las bacterias marinas de ambientes extremos representan una fuente prometedora de compuestos antimicrobianos con potencial aplicación en salud e industria.

Huanca (2024) llevó a cabo una investigación orientada a analizar la ocurrencia de *Escherichia coli* en aguas residuales del Centro Poblado Alto Puno, en la ciudad de Puno, Perú, con el propósito de evaluar su pertinencia como indicador microbiológico de contaminación fecal en sistemas de drenaje urbano. Para ello, se realizó el aislamiento bacteriano empleando procedimientos microbiológicos estandarizados, seguido de la evaluación de la respuesta de las cepas frente a antimicrobianos y metales pesados. Los hallazgos evidenciaron que *E. coli* presentó la mayor proporción de aislamiento entre las bacterias recuperadas, lo cual se relacionó con la descarga continua de efluentes domésticos sin tratamiento adecuado. En conjunto, los resultados destacaron la relevancia de *E. coli* como bioindicador de contaminación fecal en aguas residuales urbanas y su utilidad para la evaluación de la calidad microbiológica de cuerpos de agua influenciados por actividades antropogénicas.

1.2 Bases teóricas

a. Bacterias marinas

La diversidad microbiana es fundamental para el equilibrio de la biosfera, ya que los microorganismos, seres unicelulares capaces de realizar funciones vitales, cumplen roles esenciales como descomponedores de residuos orgánicos y contaminantes, además de intervenir en la producción y consumo de gases que afectan el clima global. Los océanos, al contener más del 97 % del agua de la hidrosfera y cubrir alrededor del 70 % de la superficie terrestre, constituyen el ecosistema más extenso y diverso del planeta, albergando la mayor densidad y variedad de microorganismos acuáticos. El agua marina se caracteriza por una salinidad promedio de 35 ‰ (3,5 %), compuesta principalmente por cloruro (Cl^-) y sodio (Na^+), junto a sulfato, magnesio, bicarbonato, calcio, potasio, bromuro, flúor, estroncio, ácido bórico y trazas de otros elementos. Esta composición crea un biotopo único que restringe la vida de la mayoría de animales y plantas al medio marino (Chicoma, 2016).

Las bacterias marinas constituyen un grupo diverso de microorganismos que habitan en ambientes acuáticos, desempeñando funciones ecológicas esenciales para el mantenimiento de los ecosistemas oceánicos. Estos microorganismos participan en el reciclaje de nutrientes, la descomposición de materia orgánica y la regulación de ciclos biogeoquímicos, contribuyendo a la productividad primaria y al equilibrio ambiental. Además, poseen una notable capacidad para sintetizar metabolitos secundarios con propiedades bioactivas, incluyendo compuestos antibacterianos, antifúngicos, antivirales y anticancerígenos, lo que las convierte en una fuente prometedora para biotecnología y farmacología (Avila, et al., 2024). Su adaptación a condiciones extremas del medio marino como alta salinidad, variaciones de pH, presión, temperatura y disponibilidad limitada de nutrientes les permite desarrollar mecanismos metabólicos únicos que pueden ser aprovechados para el control de patógenos y el desarrollo de productos naturales funcionales. Así, las bacterias marinas representan un recurso biológico estratégico para la salud pública, la industria y la sostenibilidad ambiental (López et al., 2019).

Entre las bacterias marinas más estudiadas y de mayor relevancia se encuentran los géneros *Bacillus*, *Streptomyces*, *Vibrio*, *Pseudomonas*, *Alteromonas*, *Shewanella*, *Photobacterium*, *Kocuria* y *Moraxella*. Estas bacterias destacan por su amplia distribución en ambientes marinos, incluyendo sedimentos, agua de mar, la microbiota de organismos acuáticos y ecosistemas extremos como fuentes hidrotermales (Durán -Garcés, et al., 2025). Muchas de ellas son reconocidas por su capacidad para producir metabolitos secundarios bioactivos, tales como antibióticos, enzimas, pigmentos y compuestos con propiedades antivirales, antifúngicas o anticancerígenas. Además, algunas especies, como *Vibrio* y *Pseudomonas*, pueden actuar como patógenos oportunistas, mientras que otras, como *Bacillus* y *Streptomyces*, se utilizan ampliamente en biotecnología, biocontrol y procesos industriales, lo que evidencia la diversidad funcional y el valor ecológico, clínico y biotecnológico de las bacterias marinas (Rico – Virgen et al., 2024).

b. Escherichia coli

Escherichia coli es un bacilo Gram negativo y anaerobio facultativo que forma parte de la microbiota intestinal humana. En condiciones fisiológicas normales, se encuentra confinado al lumen intestinal y desempeña funciones importantes en la digestión y la síntesis de ciertas

vitaminas, permaneciendo generalmente inofensivo. Sin embargo, en individuos con sistemas inmunitarios comprometidos o cuando se alteran las barreras del tracto gastrointestinal, las cepas bacterianas de *E. coli* pueden desencadenar infecciones significativas. Como agente causal de diarreas, *E. coli* representa un desafío crítico para la salud pública, especialmente en países en desarrollo, donde los niños son particularmente vulnerables. Por ello, resulta fundamental realizar un diagnóstico preciso, que permita identificar los patotipos responsables de las infecciones diarreicas y diferenciarlos de la flora intestinal normal, asegurando un manejo adecuado de la enfermedad (Canata et al., 2016).

La Organización Mundial de la Salud (OMS) considera a *Escherichia coli* como un indicador de contaminación fecal en aguas costeras, lo que hace imprescindible realizar monitoreos constantes para evaluar la calidad bacteriológica de las playas y promover su gestión sostenible. La exposición a estas aguas, por ejemplo, mediante la natación, puede incrementar el riesgo de infecciones del tracto urinario causadas por cepas de *E. coli* productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE), caracterizadas por su resistencia a múltiples antimicrobianos. Este fenómeno representa un riesgo significativo para la salud pública, especialmente en áreas urbanas densamente pobladas como Lima, donde la población infantil se encuentra particularmente vulnerable (Huayanay - Quevedo et al., 2022).

c. *Pseudomonas aeruginosa*

El género *Pseudomonas* agrupa bacterias Gram negativas, aerobias estrictas, con morfología bacilar y motilidad gracias a flagelos polares, ampliamente distribuidas en suelos, aguas dulces y marinas, donde pueden adaptarse a condiciones extremas de temperatura, pH y disponibilidad de nutrientes. Su metabolismo versátil les permite utilizar diversos compuestos orgánicos e inorgánicos como fuente de energía, así como producir metabolitos secundarios, pigmentos, exopolisacáridos y enzimas extracelulares, lo que favorece su colonización, competencia ecológica y potencial biotecnológico (Sathe et al., 2023). Entre estas especies, *Pseudomonas aeruginosa* destaca por su capacidad patogénica, ya que produce proteasas como la alcalina, la IV y elastasas, que degradan proteínas clave del sistema inmune, incluyendo surfactantes, inmunoglobulinas y péptidos antimicrobianos (Clínica Universidad de Navarra, 2024). Además, puede causar infecciones respiratorias, urinarias y oculares, como queratitis y úlceras corneales, siendo resistente a múltiples

antimicrobianos, lo que la convierte en una bacteria de relevancia crítica para la salud pública y la seguridad ambiental (Krell & Matilla, 2024).

Pseudomonas aeruginosa posee la notable habilidad de sintetizar diferentes tipos de proteasas, tales como la proteasa alcalina, la proteasa IV y las elastasas. Estas enzimas son capaces de degradar múltiples proteínas implicadas en la regulación del sistema inmune, entre las que se encuentran las proteínas surfactantes A y D, componentes del complemento, inmunoglobulinas y péptidos antibacterianos. Es relevante mencionar que, aunque los efectos patogénicos de esta bacteria han sido ampliamente estudiados en el tracto respiratorio, también puede ocasionar infecciones corneales y queratitis, principalmente por la acción de la proteasa alcalina y la proteasa IV (Paz et al., 2019).

Pseudomonas aeruginosa es reconocida como una bacteria oportunista de gran relevancia, asociado principalmente a infecciones nosocomiales, que pueden resultar particularmente graves en pacientes con sistemas inmunitarios comprometidos. Esta bacteria ha desarrollado múltiples mecanismos de resistencia frente a diversos antibióticos, incluyendo la producción de enzimas específicas, la formación de biopelículas y la disminución de la permeabilidad de su membrana celular. En el organismo humano, actúa de manera oportunista, provocando infecciones de difícil tratamiento en individuos inmunodeprimidos. Sin embargo, más allá de su perfil patogénico, *P. aeruginosa* posee un notable potencial metabólico que ha sido aprovechado en aplicaciones biotecnológicas y ambientales, tales como el tratamiento de residuos orgánicos, la producción de bioplásticos, la implementación de estrategias de biocontrol y la síntesis de pigmentos utilizados en diversos procesos industriales (Figuroa, 2020). seleccionadas fueron repicadas en tubos con agar Tripticasa de Soya (TSA) para la obtención de cultivos puros, los cuales fueron incubados a 37 °C durante 24 horas. Finalmente, se efectuaron las pruebas bioquímicas correspondientes para la confirmación bacteriológica, incluyendo TSI, LIA, citrato, rojo de metilo, Voges-Proskauer e indol.

CAPÍTULO 2. DISEÑO METODOLÓGICO

2.1. Tipo y Diseño de contrastación de hipótesis

La presente investigación es de enfoque descriptivo, con un diseño no experimental y de corte transversal, debido a que las variables de estudio no serán manipuladas y la recolección de datos se efectuó en un período de tiempo determinado. Asimismo, el desarrollo del estudio se realizó conforme a los lineamientos establecidos por el Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC, 2018).

2.2. Población, Muestra y Criterios de Selección

Población

La población del estudio estuvo constituida por bacterias marinas aisladas del agua de mar de la playa La Caleta, ubicada en el distrito de Santa Rosa, región Lambayeque, así como por cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* aisladas del Dren 4000, localizado en una zona alejada del ambiente marino. En este sentido, la población incluyó los distintos géneros de bacterias marinas con potencial capacidad inhibitoria frente a las cepas bacterianas mencionadas.

Muestra

La muestra estuvo constituida por agua superficial recolectada en siete puntos de muestreo (M1–M7) ubicados a lo largo del Dren 4000, en el distrito de Santa Rosa. En cada punto de muestreo se recolectaron tres muestras de agua, obteniéndose un total de 21 muestras. Los puntos M1–M7 fueron seleccionados de manera representativa a lo largo del dren, con el fin de evaluar la presencia de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*.

Asimismo estuvo constituida por 36 unidades de muestreo de agua de mar de la playa de la Caleta Santa Rosa tomada en frascos de 450 ml. c/u en dos meses cada 15 días a 20 metros adentro del mar, se tomó en tres zonas 01, 02, 03 (zona 1 – a la izquierda de la desembocadura del Dren 4000; zona 02 – frente a la desembocadura del Dren 4000 y zona 03 – a la derecha de la desembocadura del Dren 4000); asimismo de cada zona se tomaron 3 muestra de manera equidistante cada 50 metros, siendo el punto de partida la desembocadura del Dren 4000.

2.3. Técnicas, Instrumentos, Equipos y Materiales de Recolección de Datos

2.3.1 Métodos

a. Área de estudio

Playa de la Caleta Santa Rosa - Dren 4000 tramo final.

b. Procedimiento

Recolección y traslado de muestra

Para la recolección de muestras de agua de mar y agua residual, se procedió inicialmente al rotulado de los envases, consignando el número de muestra, código del punto de muestreo, fecha, hora y lugar de recolección. Las muestras se obtuvieron de manera manual utilizando frascos estériles de boca ancha con tapa rosca, los cuales fueron transportados en un cooler a una temperatura aproximada de 4 °C, empleando paquetes refrigerantes disponiendo para ello ICE PACK, e inmediatamente trasladado al laboratorio de investigación de Microbiología y Parasitología de la Facultad de Ciencias Biológicas de la UNPRG. Para el caso del muestreo en caso del Dren 4000, se usó el frasco muestreador de 450 mL. De capacidad y se colocó en dirección opuesta al flujo de agua y se tomó la muestra.

Aislamiento e identificación de *Escherichia coli*

Las muestras de agua fueron homogenizadas entre 10 y 20 veces. Posteriormente, se realizó un preenriquecimiento en tubos con 5 mL de caldo lauril sulfato, a los cuales se adicionaron 5 mL de muestra, incubándose a 35 °C durante 6 a 8 horas; la presencia de turbidez fue considerada como resultado positivo. Luego, las muestras positivas fueron sembradas mediante la técnica de estriado con asa bacteriológica en placas con agar MacConkey y agar Endo, e incubadas a 37 °C durante 18 a 24 horas. Finalizado el periodo de incubación, se evaluó el crecimiento bacteriano mediante la observación de colonias con características morfológicas diferenciales según el medio de cultivo empleado. En agar Endo se identificaron colonias lactosa positivas con brillo metálico característico, mientras que en agar MacConkey se seleccionaron colonias fermentadoras de lactosa de coloración rosada. Posteriormente, se realizó la tinción de Gram, confirmándose bacterias Gram negativas con morfología de cocobacilos. Las colonias seleccionadas fueron repicadas en tubos con agar Tripticasa de Soya (TSA) para la obtención de cultivos puros, los cuales fueron incubados a 37 °C durante 24 horas. Finalmente, se

efectuaron las pruebas bioquímicas correspondientes para la confirmación bacteriológica, incluyendo TSI, LIA, citrato, rojo de metilo, Voges-Proskauer e indol.

Aislamiento e identificación de *Pseudomonas aeruginosa*

Las muestras de agua fueron homogenizadas entre 10 y 20 veces. Posteriormente, se realizó un preenriquecimiento en tubos con 5 mL en caldo Tripticasa de Soya (TSA) con 5 mL de muestra, incubándose a 35 °C durante 6 a 8 horas, considerándose positiva la presencia de pigmentación verdosa. Luego, se efectuó la siembra por técnica de estriado en placas con agar cetrimide, incubadas en posición invertida a 37 °C durante 24 horas, prolongándose hasta 48 horas en ausencia de crecimiento bacteriano. Tras la incubación, se observaron colonias circulares pequeñas, de aproximadamente 2 a 3 mm de diámetro, con pigmentación verdosa o azul verdosa característica. La tinción de Gram evidenció bacilos Gram negativos no fermentadores. Las colonias aisladas fueron repicadas en agar TSA para obtener cepas puras y, finalmente, se realizaron las pruebas bioquímicas TSI, LIA, citrato, rojo de metilo, Voges-Proskauer e indol para su identificación bacteriana.

Recolección y traslado de muestras de agua de mar

Para la toma de muestra se utilizaron frascos de 450 ml de capacidad de boca ancha tapa de rosca y estériles, la toma de muestra se realizó a una distancia de 5 metros de la orilla de la playa de Santa Rosa en forma manual. Durante la recolección de las muestras se registró el pH y la temperatura, se rotuló el nombre de la playa, el número de muestra, hora y fecha de muestreo, así como el nombre de quien tomó la muestra. Cada muestra fue codificada, refrigerada y transportada inmediatamente al laboratorio de Microbiología y Parasitología de la Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo.

Aislamiento y selección de Bacterias marinas

El procedimiento se desarrolló siguiendo la metodología propuesta por Jorge León (1998), aplicándose la técnica de diluciones seriadas hasta 10^{-5} , utilizando como diluyente agua de mar previamente filtrada y esterilizada. Las muestras fueron homogenizadas y se pipeteó

alícuotas de 0,1 mL de cada dilución sobre placas con agar marino (AM). El medio de cultivo se preparó con la siguiente composición: peptona universal (4,0 g), extracto de levadura (1,0 g), agar-agar (15,0 g), agua de mar filtrada (750 mL) y agua destilada (250 mL), ajustando el pH a 7,6. Cada dilución se sembró por duplicado y las placas se incubaron a 20 °C durante un período de 6 días.

Una vez transcurridos los seis días de crecimiento de las bacterias marinas, se procedió a realizar el cultivo puro, que consistió en sembrar cada colonia con morfología diferente proveniente de las placas previamente cultivadas en nuevas placas que contenían agar marino. Posteriormente, se llevó a cabo su identificación mediante la técnica de tinción de Gram.

Selección de bacterias marinas con capacidad inhibitoria frente a *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*.

Para la selección de bacterias marinas con capacidad inhibitoria, se emplearon cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* previamente aisladas del Dren 4000. El procedimiento se realizó siguiendo el método de doble capa descrito por Dopazo et al. (1988) y modificado por Leon & García – Tello (1998). Las placas de aislamiento en agar marino fueron recubiertas con una segunda capa de 3 mL de medio semisólido de tripticasa de soya, previamente inoculado con 10 µL de un cultivo de 18 horas de *E. coli* y *P. aeruginosa*, con una concentración aproximada de 10⁶ células/mL. Posteriormente, las placas fueron incubadas a 35 °C durante 24 horas. Las colonias marinas que evidenciaron la formación de halos de inhibición frente a las cepas indicadoras fueron subcultivadas y purificadas en agar marino, para finalmente ser conservadas en un cepario.

Determinación de capacidad inhibitoria de bacterias marinas frente a *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* (Alfaro, 2009).

Para evaluar la capacidad inhibitoria de las bacterias marinas frente a *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* aisladas del Dren 4000, se aplicó el método de difusión en agar, conforme a lo propuesto por Pérez et al. (1999). Se utilizaron discos de agar marino de 0,5 cm de diámetro y 0,2 cm de altura, obtenidos a partir de cultivos de bacterias marinas incubados durante 120 horas. Dichos discos fueron dispuestos de manera equidistante sobre

placas Petri que contenían agar tripticasa de soya, previamente inoculado por diseminación con las cepas de *E. coli* y *P. aeruginosa* (Anexo 3). Posteriormente, las placas fueron sometidas a una pre incubación en refrigeración a 5 °C durante un período de 2 a 4 horas y, finalmente, incubadas a 28 °C por 24 horas. La formación de halos de inhibición alrededor de los discos de agar fue considerada indicativa de actividad inhibitoria frente a las bacterias evaluadas.

2.3.2. Instrumentos, equipos y materiales.

Se utilizó instrumentos y equipos de laboratorio, así como equipos electrónicos necesarios para el desarrollo de las actividades experimentales. Como material biológico, se emplearán cepas de bacterias marinas aisladas de agua de mar de la caleta Santa Rosa, junto con cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* aisladas del dren 4000.

2.4. Aspectos Éticos

La presente investigación se desarrolló conforme a los principios éticos y lineamientos establecidos por el Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica (CONCYTEC), garantizando la integridad científica y la responsabilidad en la generación de conocimiento. Al tratarse de un estudio microbiológico basado en el análisis de muestras ambientales (agua marina y aguas residuales), no se involucró la participación directa de seres humanos ni animales, por lo que no fue requerido el consentimiento informado. La manipulación, aislamiento y conservación de las cepas bacterianas se realizaron bajo normas de bioseguridad vigentes, asegurando el uso adecuado de equipos de protección personal y la correcta disposición de residuos biológicos, con el fin de prevenir riesgos al personal investigador y al medio ambiente. Asimismo, los resultados fueron registrados y reportados de manera objetiva y transparente, respetando los principios de honestidad académica, confidencialidad y reconocimiento adecuado de las fuentes bibliográficas.

CAPÍTULO 3. RESULTADOS

La Tabla 1 muestra la distribución de cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* aisladas a partir de muestras de agua recolectadas en siete puntos de muestreo (M1–M7) correspondientes al Dren 4000, ubicado en el distrito de Santa Rosa. En cada punto se analizaron tres muestras, observándose una mayor frecuencia de aislamiento de *Escherichia coli* en comparación con *Pseudomonas aeruginosa* en la mayoría de los sitios evaluados. El mayor número de aislamientos de *E. coli* se registró en el punto M4, con seis cepas, seguido de los puntos M2 y M5, con cinco cepas cada uno. Por su parte, *P. aeruginosa* presentó una menor distribución, destacándose los puntos M2 y M3 con dos cepas aisladas, mientras que en los puntos M1 y M7 no se registraron aislamientos de esta especie.

Tabla 1

Cepas de Escherichia coli y Pseudomonas aeruginosa aisladas del dren 4000 , Santa Rosa - Lambayeque 2025

Zona de muestreo	Ubicación (Latitud – Altitud)	Numero de muestras	Microorganismo	
			<i>Escherichia coli</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
M1	-6.876380, L - 79.928038 A.	3	2	0
M2	-6.876410, L - 79.928068 A	3	5	2
M3	-6.876455, L - 79.928119 A	3	4	2
M4	-6.876476, L - 79.928095 A	3	6	1
M5	-6.876493, L- 79.928071 A	3	5	1
M6	-6.876436, L - 79.928021 A	3	3	1
M7	-6.876395, L - 79.927976 A	3	1	0
	Total	21	26	7

La Tabla 2 presenta la identificación de bacterias marinas con capacidad inhibitoria aisladas a partir de muestras de agua recolectadas en tres zonas de la playa Santa Rosa, se analizaron 36 muestras distribuidas en distintos puntos de muestreo ubicados a ambos lados del punto de descarga del Dren 4000. Del total de bacterias marinas aisladas, 35 presentaron capacidad inhibitoria frente a las cepas de bacterias evaluadas. La mayor actividad inhibitoria se registró en los puntos cercanos al área de descarga, especialmente en la Zona 02, donde se obtuvo el mayor número de bacterias marinas con actividad antagonista, identificándose con capacidad inhibitoria a *Vibrio sp.*, *Bacillus sp.*, *Micrococcus sp.*, *Streptomyces sp.*, *Aeromonas sp.* y *Alcaligenes sp.*

Tabla 2

Identificación de bacterias marinas con capacidad inhibitoria aisladas de la playa Santa Rosa - Lambayeque 2025

Zona de muestreo		Ubicación (Latitud - Altitud)	Nº de Muestras	Nº de bacterias marinas	Nº de bacterias marina con capacidad inhibitoria	Bacterias marinas
Zona 01	Izq. 200 m	-6.877389, L -79.928508 A	4	2.15×10^3	5	<i>Alcaligenes sp.</i> <i>Vibrio sp.</i>
	Izq. 150 m	-6.877316, L -79.928640 A	4	$2,4 \times 10^3$	0	-----
	Izq. 100 m	-6.877258, L -79.928585 A	4	$2,55 \times 10^3$	7	<i>Vibrio sp.</i> <i>Vibrio parahaemolyticus</i>
Zona 02	Izq. 50 m	-6.877204, L -79.928644 A	4	$3,5 \times 10^3$	4	<i>Vibrio sp.</i> <i>Micrococcus sp.</i>
	Punto de descarga	-6.877145, L -79.928709 A	4	$3,9 \times 10^3$	10	<i>Vibrio sp.</i> <i>Bacillus sp.</i> <i>Micrococcus sp.</i> <i>Streptomuyces sp.</i> -----
	Der. 50m	-6.877087, L -79.928822 A	4	$3,8 \times 10^3$	0	-----
Zona 03	Der. 100 m	-6.877038, L -79.928851 A	4	$3,1 \times 10^3$	6	<i>Micrococcus sp.</i> <i>Aeromonas sp.</i>
	Der. 150 m	-6.876985, L -79.928879 A	4	$3,2 \times 10^3$	0	-----
	Der. 200 m	-6.876940, L -79.928905 A	4	2.7×10^3	3	<i>Streptomices sp.</i> <i>Aeromonas sp.</i>
Total			36	2.73×10^4	35	

ZONA 01: Izquierda de la desembocadura dren 4000

ZONA 02 : Desembocadura dren 4000

ZONA 03: Derecha de la desembocadura dren 4000

La Tabla 3 muestra que, de un total de 35 bacterias marinas aisladas del dren 4000, Santa Rosa – Lambayeque (2025), 26 cepas (74,3 %) presentaron capacidad inhibitoria frente a *Escherichia coli*, mientras que 9 (25,7 %) no evidenciaron inhibición. El género *Vibrio sp.* fue el que registró mayor frecuencia de inhibición con 10 cepas (28,6 %), seguido de *Streptomyces sp.* con 5 (14,3 %) y *Bacillus sp.* con 4 (11,4 %), destacando este último por presentar inhibición en el 100% de sus aislamientos. Asimismo, *Micrococcus sp.* mostró 3 cepas inhibitorias (8,6 %) y *Alcaligenes sp.* 2 (5,7 %), mientras que *Vibrio parahaemolyticus* y *Aeromonas sp.* registraron 1 cepa cada uno (2,9 %). En cuanto a las bacterias sin efecto inhibitorio, predominó *Vibrio sp.* y *Micrococcus sp.* con 2 casos cada uno (5,7 %), evidenciándose en general un predominio significativo de cepas con actividad antimicrobiana frente a *Escherichia coli*.

Tabla 3

Bacterias marinas que presentan capacidad inhibitoria frente a Escherichia coli aisladas del dren 4000, Santa Rosa - Lambayeque 2025

Bacterias marinas	<i>Escherichia coli</i>				Total	
	Presentó inhibición		No presentó inhibición		n	%
	n	%	n	%		
<i>Alcaligenes sp.</i>	2	5.7	2	5.7	4	11.4
<i>Vibrio sp.</i>	10	28.6	2	5.7	12	34.3
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	1	2.9	1	2.9	2	5.7
<i>Micrococcus sp.</i>	3	8.6	2	5.7	5	14.3
<i>Bacillus sp.</i>	4	11.4	0	0	4	11.4
<i>Aeromonas sp.</i>	1	2.9	1	2.9	2	5.7
<i>Streptomices sp.</i>	5	14.3	1	2.9	6	17.1
<i>Total</i>	26	74.3	9	25.7	35	100

La Tabla 4 muestra la capacidad inhibitoria de bacterias marinas frente a *Pseudomonas aeruginosa* aislada del Dren 4000, en el distrito de Santa Rosa, del total de 35 cepas de

bacterias marinas evaluadas, el 51,4 % (n = 18) presentó actividad inhibitoria frente a *P. aeruginosa*, mientras que el 48,6 % (n = 17) no evidenció inhibición. El género *Vibrio sp.* fue el que registró el mayor número de cepas inhibitorias, con 7 aislamientos (20 %), seguido por *Bacillus sp.* y *Streptomyces sp.*, ambos con 4 cepas inhibitorias (11,4 % cada uno), destacando *Bacillus sp.* por mostrar inhibición en la totalidad de sus cepas evaluadas. En contraste, *Vibrio parahaemolyticus* y *Aeromonas sp.* no presentaron actividad inhibitoria.

Tabla 4

Bacterias marinas que presentan capacidad inhibitoria frente a Pseudomonas aeruginosa aisladas del dren 4000, Santa Rosa - Lambayeque 2025

Bacterias marinas	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>				Total de cepas	
	Presentó inhibición		No presentó inhibición		n	%
	n	%	n	%		
<i>Alcaligenes sp.</i>	1	2.9	3	8.6	4	11.4
<i>Vibrio sp.</i>	7	20	5	14.3	12	34.3
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	0	0	2	5.7	2	5.7
<i>Micrococcus sp.</i>	2	5.7	3	8.6	5	14.3
<i>Bacillus sp.</i>	4	11.4	0	0	4	11.4
<i>Aeromonas sp.</i>	0	0	2	5.7	2	5.7
<i>Streptomyces sp.</i>	4	11.4	2	5.7	6	17.1
<i>Total</i>	18	51.4	17	48.6	35	100

La Tabla 5 muestra la capacidad inhibitoria de las bacterias marinas aisladas de la playa Santa Rosa frente a cepas de *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* provenientes del Dren 4000. Frente a *E. coli*, el mayor efecto inhibitorio fue registrado en *Streptomyces sp.*, con un halo de inhibición de 18 mm, seguido por *Vibrio sp.* (15 mm) y *Alcaligenes sp.* (12,5 mm), lo que evidencia una marcada actividad antagonista. *Micrococcus sp.* y *Bacillus sp.* presentaron halos similares (12 mm), mientras que *Vibrio parahaemolyticus* y *Aeromonas sp.* mostraron la menor actividad inhibitoria, con diámetros de 9,5 mm. En relación con

Pseudomonas aeruginosa, *Streptomyces* sp. y *Bacillus* sp. destacaron por presentar los mayores diámetros de inhibición (16 mm y 13 mm, respectivamente), seguidos por *Vibrio* sp. (11 mm) y *Micrococcus* sp. (10,5 mm) *Alcaligenes* sp. mostró un efecto inhibitorio moderado (8 mm), mientras que *Vibrio parahaemolyticus* y *Aeromonas* sp. no evidenciaron actividad inhibitoria frente a esta bacteria (Anexo 10).

Tabla 5

Capacidad inhibitoria de bacterias marinas frente a cepas de Escherichia coli y Pseudomonas aeruginosa aisladas del dren 4000, Santa Rosa - Lambayeque, 2025, determinada mediante la medición del promedio del halo de inhibición

	Promedio	
	<i>Escherichia coli</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
<i>Alcaligenes</i> sp.	12.5 mm	8 mm
<i>Vibrio</i> sp.	15 mm	11 mm
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	9.5 mm	-----
<i>Micrococcus</i> sp.	12 mm	10.5 mm
<i>Bacillus</i> sp.	12 mm	13 mm
<i>Aeromonas</i> sp.	9.5 mm	-----
<i>Streptomices</i> sp. .	18 mm	16 mm

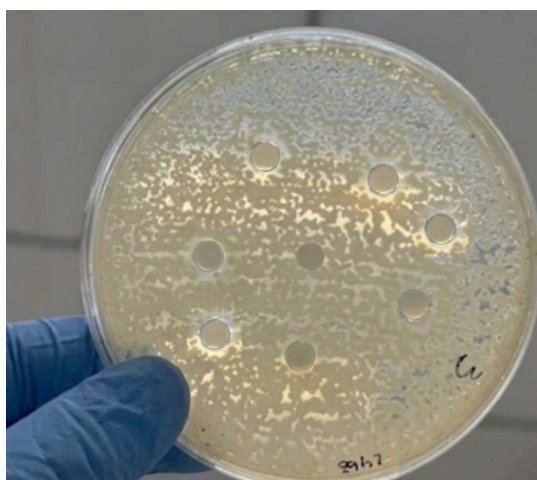


Figura 1. Halos de inhibición de Escherichia coli aisladas del dren 4000, Santa Rosa – Lambayeque, 2025, frente a bacterias marinas

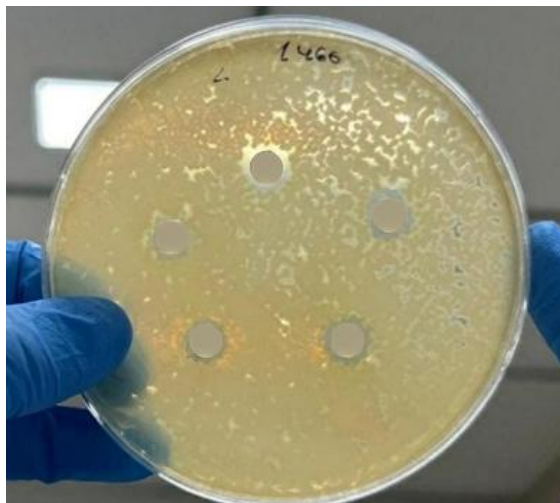


Figura 2. Halos de inhibición de *Pseudomonas aeruginosa* aisladas del dren 4000, Santa Rosa – Lambayeque, 2025, frente a bacterias marinas

CAPÍTULO 4 : DISCUSIÓN

Los resultados mostraron una mayor frecuencia de *Escherichia coli* que de *Pseudomonas aeruginosa* en el Dren 4000, lo que se explica por ser *E. coli* un indicador clásico de contaminación fecal por aguas residuales domésticas sin tratamiento (Huayanay-Quevedo et al., 2022). La mayor concentración de cepas en los puntos M4, M2 y M5 refleja diferencias locales en la carga orgánica y descargas puntuales, coincidiendo con lo reportado por Huanca (2024) sobre la persistencia de *E. coli* en ambientes de drenaje urbano. En contraste, la menor presencia de *P. aeruginosa* y su ausencia en algunos puntos se atribuye a su mayor dependencia de condiciones ambientales específicas y a una competencia microbiana más intensa (Sathe et al., 2023), además de asociarse a fuentes de contaminación más restringidas, como efluentes hospitalarios o industriales.

Los resultados evidencian una comunidad heterogénea de bacterias marinas con actividad inhibitoria, destacando géneros como *Vibrio*, *Bacillus*, *Streptomyces*, *Micrococcus*, *Aeromonas* y *Alcaligenes*. La mayor concentración de aislamientos con capacidad inhibitoria se registró en la Zona 02, próxima a la descarga del Dren 4000, lo que sugiere que el aporte de materia orgánica y nutrientes podría favorecer la selección de bacterias con mayor competitividad ecológica y producción de metabolitos antimicrobianos (Ávila et al., 2024;

Gram et al., 2010). Este patrón coincide con lo reportado por Peña-Pelayo et al. (2022), quienes indican que ambientes marinos con influencia antropogénica tienden a albergar bacterias con mayor potencial bioactivo. Estudios previos confirman que cepas marinas de *Bacillus* producen lipopéptidos activos contra bacterias Gram negativas y Gram positivas (Lim et al., 2016; Galaviz et al., 2022), mientras que *Streptomyces* marinos son fuente importante de metabolitos bioactivos (León et al., 2016). Estos hallazgos refuerzan el potencial de los ecosistemas marino-costeros impactados como reservorios de microorganismos con aplicaciones antimicrobianas.

Los resultados obtenidos evidencian que una proporción significativa de las bacterias marinas evaluadas (74,3 %) mostró actividad inhibitoria frente a *Escherichia coli*, lo que resalta el elevado potencial antagonista de la microbiota marina frente a bacterias de origen fecal. Estos hallazgos son consistentes con lo reportado por Aponte et al. (2015), quienes demostraron que *Streptomyces erythrogriseus* cepa M10-77, una actinobacteria de origen marino, produce metabolitos con alta eficacia inhibitoria frente a especies bacterianas de los géneros *Enterococcus* y *Staphylococcus*. Asimismo, los resultados obtenidos coinciden con lo señalado por Peña-Pelayo et al. (2022), quienes observaron que el 73 % de las bacterias marinas aisladas de sistemas hidrotermales someros produjeron compuestos capaces de inhibir al menos uno de los microorganismos evaluados, destacando el elevado potencial del microbioma marino como fuente de agentes antimicrobianos con aplicaciones en salud e industria.

Por otra parte, se observó un marcado predominio del género *Vibrio* sp. como principal microorganismo inhibidor dentro del grupo de bacterias marinas evaluadas. Este hallazgo puede explicarse por su elevada plasticidad metabólica y su capacidad para producir compuestos con actividad antimicrobiana y diversos metabolitos secundarios, los cuales les confieren ventajas competitivas y adaptativas en ecosistemas marinos altamente variables (Cázares et al. 2019). Estas características les permiten inhibir el crecimiento de otros microorganismos y asegurar su supervivencia frente a las fluctuaciones ambientales propias del medio marino. Los resultados obtenidos concuerdan con lo reportado por Justo et al.

(2014), quienes indicaron que el 11,76 % de los géneros bacterianos aislados de muestras de agua de mar correspondieron al género *Vibrio*, evidenciando su amplia distribución y relevancia ecológica. Asimismo, De la Fuente y Faúndez (2019) destacan el potencial de este género como agente de control biológico en ambientes acuáticos. De igual forma, Chicoma (2016) reporta que el género *Vibrio* presentó un efecto inhibitorio notable en el 50 % de los aislamientos evaluados, reforzando su importancia como microorganismo antagonista.

La inhibición total registrada en las cepas de *Bacillus* sp. reafirma su reconocida eficacia como productores de lipopéptidos y otras sustancias antibacterianas de amplio espectro. Este resultado es consistente con lo reportado por Justo et al. (2014), quienes identificaron una presencia del 5,88 % de bacterias del género *Bacillus* en muestras de agua de mar recolectadas en la playa de Cantolao–La Punta, evidenciando su distribución en ambientes marinos. De manera complementaria, Lim et al. (2016) señalan que las especies de este género presentan diversas actividades biológicas, incluyendo acción amebicida, capacidad para inhibir la formación de biopelículas y propiedades bactericidas, lo que sustenta su potencial como agentes antimicrobianos en ecosistemas acuáticos.

La participación de *Streptomyces* sp. y *Micrococcus* sp. en la inhibición de *E. coli* destaca la importancia de las actinobacterias y de los cocos Gram positivos marinos como reservorios naturales de compuestos con actividad antimicrobiana. Este hallazgo concuerda con lo señalado por Aponte et al. (2015), quienes identificaron a *Streptomyces erythrogriseus* cepa M10-77 como un potente productor de metabolitos antibacterianos, además de evidenciar una notable acción sinérgica con antibióticos de uso clínico. Asimismo, León et al. (2016) indican que el género *Streptomyces*, aislado del tracto intestinal de organismos marinos, constituye una fuente relevante de metabolitos bioactivos con potencial aplicación en el control de microorganismos contaminantes.

Cabe destacar que, la menor actividad inhibitoria registrada en *Vibrio parahaemolyticus* y *Aeromonas* sp. podría estar asociada a variaciones en la producción y expresión de metabolitos bioactivos (Rico – Virgen et al., 2024), así como a la adopción de estrategias de competencia menos intensivas frente a *E. coli*. No obstante, estos géneros, continúan siendo de interés desde la perspectiva biotecnológica, ya que De la Fuente y Faúndez (2019) destacan el potencial de *Vibrio parahaemolyticus* como agente de control biológico en

ecosistemas acuáticos. De manera similar, Chicoma (2016) reporta que especies del género *Aeromonas* presentaron un efecto inhibitorio significativo (30 %), lo que evidencia que determinadas bacterias marinas poseen un importante potencial como agentes de control biológico frente a bacterias de interés sanitario.

Asimismo, se muestran que solo el 51,4 % de las bacterias marinas evaluadas presentó efecto inhibitorio frente a *Pseudomonas aeruginosa*, lo que evidencia la elevada resistencia natural de este microorganismo. Esta resistencia se asocia a mecanismos como la baja permeabilidad de su membrana externa, la producción de enzimas inactivantes y su capacidad para formar biopelículas, factores que limitan la acción de compuestos antimicrobianos. Este comportamiento ha sido previamente reportado por Gómez (2018), quien señala una baja sensibilidad de *P. aeruginosa* ATCC 27853 frente a extractos derivados de bacterias marinas, así como por León et al. (2016), quienes indican que la respuesta inhibitoria varía según el microorganismo diana, siendo *P. aeruginosa* uno de los más resistentes. En este contexto, la proporción limitada de cepas inhibitorias observada en el presente estudio resulta consistente con los antecedentes disponibles.

Asimismo, el género *Vibrio* sp. presentó la mayor proporción de aislamientos con actividad inhibitoria (34,3 %), evidenciando su elevada competitividad metabólica y adaptación en ambientes marinos influenciados por actividades humanas. Estudios previos resaltan su potencial como agente de biocontrol junto con *Bacillus* sp., capaces de ejercer presión competitiva sobre bacterias contaminantes (De la Fuente y Faúndez, 2019; Cázares et al., 2019). Asimismo, *Bacillus* sp. mostró una marcada capacidad inhibitoria, destacando por la inhibición total observada en todas sus cepas, lo cual se asocia a la producción de metabolitos antimicrobianos de amplio espectro, como lipopéptidos y bacteriocinas (Lim et al., 2016). De manera complementaria, la presencia de *Streptomyces* sp. (17,1 %) refuerza la importancia de las actinobacterias marinas como fuentes naturales de metabolitos secundarios bioactivos con potencial aplicación en el control de bacterias contaminantes (León et al., 2016).

Por otro lado, la variabilidad en la capacidad inhibitoria observada entre los distintos géneros bacterianos refleja la influencia de las condiciones ecológicas del ecosistema marino-costero, particularmente en zonas sometidas a descargas de aguas residuales, como la playa Santa

Rosa. Estos ambientes generan presiones selectivas que favorecen la coexistencia de microorganismos con diferentes estrategias de supervivencia y competencia. En este contexto, la ausencia de actividad inhibitoria registrada en *Vibrio parahaemolyticus* y *Aeromonas sp.* podría estar relacionada con estrategias ecológicas orientadas a la coexistencia más que a la antagonía directa. Este comportamiento concuerda con lo reportado por Justo et al. (2014), quienes aislaron *Aeromonas sp.* en ambientes marinos con una frecuencia del 11,76 %, pero con baja capacidad inhibitoria.

Finalmente se evidencia una marcada variabilidad en la capacidad inhibitoria de las bacterias marinas frente a *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*, atribuible a diferencias metabólicas y genéticas entre los géneros evaluados. En este contexto, *Streptomyces sp.* exhibió la mayor actividad antagonista, con halos de inhibición de 18 mm frente a *E. coli* y 16 mm frente a *P. aeruginosa*, seguido por *Bacillus sp.*, que presentó diámetros de 12 mm y 13 mm, respectivamente. Esta elevada actividad inhibitoria se asocia con la reconocida capacidad de estos géneros para biosintetizar una amplia diversidad de metabolitos secundarios con acción antimicrobiana, tales como antibióticos, bacteriocinas y enzimas hidrolíticas, los cuales les confieren ventajas competitivas en ambientes marinos. Estos resultados concuerdan con lo reportado por Durán-Garcés et al. (2025) y Rico-Virgen et al. (2024), quienes señalan que bacterias marinas de los géneros *Streptomyces* y *Bacillus* presentan una mayor eficacia inhibitoria frente a bacterias de relevancia sanitaria.

Los antecedentes revisados muestran que las bacterias marinas constituyen una fuente valiosa de microorganismos con potencial bioactivo, respaldando los resultados alcanzados en el presente estudio. Investigaciones realizadas en distintas playas y ecosistemas marinos (Cortez, 2013; Justo et al., 2014) evidencian la presencia de géneros como *Escherichia*, *Enterococcus*, *Pseudomonas*, *Vibrio*, *Bacillus* y *Streptomyces* en ambientes costeros y marinos, cuya frecuencia varía en función del hábitat y de las condiciones locales. Este patrón concuerda con la heterogeneidad microbiana observada en el área de estudio, la cual estaría influenciada por factores físicos, químicos y antropogénicos, como la descarga de aguas residuales y la salinidad del agua. Asimismo, la predominancia de bacterias Gram-negativas en el agua de mar y de Gram-positivas en sedimentos y suelos adyacentes, reportada por

Justo et al. (2014) y Chicoma (2016), explica la composición bacteriana registrada y evidencia diferencias funcionales y ecológicas entre los distintos hábitats evaluados.

CONCLUSIONES

- *Escherichia coli* predominó sobre *Pseudomonas aeruginosa* en las muestras de agua del Dren 4000, con mayor presencia en M4, seguido de M2 y M5. *P. aeruginosa* presentó menor frecuencia, detectándose solo en algunos puntos y ausente en las Zonas de Muestreo M1 y M7.
- Del análisis de 36 muestras de agua de tres zonas de la playa Santa Rosa, cercanas al Dren 4000, se demostraron 35 cepas presentaron capacidad inhibitoria frente a *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*. La mayor actividad antagonista se observó en la Zona 02, próxima al punto de descarga, identificándose géneros con potencial antimicrobiano como *Vibrio sp.*, *Bacillus sp.*, *Micrococcus sp.*, *Streptomyces sp.*, *Aeromonas sp.* y *Alcaligenes sp.*
- Se evidenció que un alto porcentaje de bacterias marinas aisladas del Dren 4000 posee capacidad inhibitoria frente a *Escherichia coli* (74,3 %) y en menor medida frente a *Pseudomonas aeruginosa* (51,4 %), destacando la eficacia de los géneros *Vibrio* (28,6 %), *Bacillus* (11,4 %) y *Streptomyces* (14,3 %). *Bacillus sp.* sobresale por inhibir completamente todas sus cepas frente a ambas bacterias, mientras que *Vibrio parahaemolyticus* y *Aeromonas sp.* mostraron menor o nula actividad.
- Las bacterias marinas aisladas de la playa Santa Rosa presentan diferentes niveles de capacidad inhibitoria frente a *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*, destacando *Streptomyces sp.* por su efecto antagonista más pronunciado frente a ambas bacterias. *Bacillus sp.* también mostró una actividad significativa, especialmente frente a *P. aeruginosa*, mientras que *Alcaligenes sp.* y *Micrococcus sp.* presentaron inhibición moderada.

RECOMENDACIONES

- Mantener un seguimiento periódico de las aguas para evaluar la presencia de *E. coli* y *P. aeruginosa*, identificando posibles focos de contaminación y su variación temporal.
- Promover estudios sobre metabolitos antimicrobianos marinos en las playas del litoral Lambayecanos
- Informar a la población local sobre la relación entre la contaminación de drenajes, la presencia de bacterias y la importancia de preservar la biodiversidad microbiana marina
- Evaluar la capacidad inhibitoria de estas bacterias frente a otros microorganismos de relevancia clínica y ambiental.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aponte, J., León, J., Rojas, R., Montero, S., & Loayza, L. (2015). Actividad antimicrobiana y sinérgica de metabolitos producidos por *Streptomyces erythrogriseus* M10-77 de origen marino. *Revista de la Sociedad Venezolana de Microbiología*, 35(1), 17-20, http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S131525562015000100004&lng=es&tlng=es.
- Avila-Castro, Elizabeth, Díaz-Pérez, Leopoldo, Ayón-Parente, Manuel, Ríos-Jara, Eduardo, Hernández-Zulueta, Joicye, Rodríguez-Troncoso, Alma Paola, & Rodríguez-Zaragoza, Fabián Alejandro. (2024). Bacterias marinas tolerantes al tributilestaño en la Bahía de Manzanillo, Colima, México. *Revista internacional de contaminación ambiental*, 40, 55221. Epub 17 de marzo de 2025. <https://doi.org/10.20937/rica.55221>
- Blanco, O. C. (2017). *Caracterización morfo-fisiológica y genética de bacterias marinas de Laguna Grande, con actividad antibiótica sobre Staphylococcus aureus resistente a meticilina* [Tesis de maestría, Universidad Nacional de Trujillo]. Repositorio UNT <https://dspace.unitru.edu.pe/server/api/core/bitstream/9e4b39ec-a4ab-4398-ac10f24547ba6aee/content>
- Canata, M., Navarro, R., Velázquez, G., Rivelli, S., Rodríguez, F., Céspedes, A., Espínola, C., Canese, J., & Guillén, R.. (2016). Caracterización molecular de factores de virulencia de aislados *Escherichia coli* obtenidas de heces de niños con gastroenteritis del Hospital Central de Instituto de Previsión Social en el 2012. *Pediatría (Asunción)*, 43(1), 13-17. http://scielo.iics.una.py/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S168398032016000100002
- Cavalieri, S., Rankin, I., Harbeck, R., Sautter, R., McCarter, Y., Sharp, S., Ortez, J. & Spiegel, C. (2005). Manual de Pruebas de Susceptibilidad Antimicrobiana. Departments of Laboratory Medicine and https://www3.paho.org/spanish/ad/ths/ev/labs_sucep_antimicro.pdf Microbiology.

- Cazares, G., Molina, Z., Ibarra, J. (2019). Evaluación in vitro del efecto antagonista de bacterias marinas contra *Vibrio parahaemolyticus* AHPND. *Revista Tendencia e Investigación en Química*, 5(5),667 - 676.
https://zaloamati.azc.uam.mx/bitstream/handle/11191/7894/Evaluacion_in_vitro_2019.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Chicama, C. L. (2016). *Estudio de la Diversidad Bacteriana en el mar de Pimentel con efecto controlador sobre Shiguella sp.* [Tesis de pregrado, universidad Cesar Vallejo]. Repositorio UCV.
https://repositorio.ucv.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12692/32286/chicama_cl.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Clínica Universidad de Navarra. (2024). *Proteasa*. En *Diccionario médico*.
<https://www.cun.es/diccionario-medico/terminos/proteasa>
- Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica – CONCYTEC. (2018). *Lineamientos técnicos para la ejecución de proyectos de ciencia, tecnología e innovación tecnológica con recursos del canon en universidades públicas*.
<https://portal.concytec.gob.pe/images/publicaciones/guias- doc/Lineamientos- tnicos-para-la-ejecucin-de-proyectos-de-CTI-con-recursos-del- canon-en- universidades-2018.pdf>
- Cortez, J. (2013). Efecto de medios de cultivo preparados con agua de mar sobre indicadores sanitarios en aguas marinas de balnearios de Chichiriviche, estado Falcón, Venezuela. *Revista de la Sociedad Venezolana de Microbiología*, 33(2), 122-128
<https://ve.scielo.org/pdf/rsvm/v33n2/art07.pdf>
- Corinaldesi C, Barone G, Marcellini F, Dell'Anno A & Danovaro R. (2017). Marine Microbial-Derived Molecules and Their Potential Use in Cosmeceutical and Cosmetic Products. *Marine Drugs*, 15 (4):118. <https://doi.org/10.3390/md15040118>
- De la Fuente, M. y Faúndez. V. (2019). Evaluación in vitro de bacterias marinas para potencial biocontrol en cultivo de moluscos bivalvos. *Revista de Biología Marina y Oceanografía*, 54 (3), 272-282.

<https://www.scielo.cl/pdf/revbiolmar/v54n3/0718-1957-revbiolmar-54-03-272.pdf>

- Dopazo C, Lemos M, Lodeiros C, Bolinches J, Barja J & Toranzo A. (1988). Inhibitory activity of antibiotic producing marine bacteria against fish pathogens. *Journal Applied Bacteriology* 65(2): 97-101
- Durán-Garcés, Felipe, Espinoza, Carola, & Gallardo, Víctor A.. (2025). First record of multicellular filamentous benthic bacteria from freshwater lagoons in central Chile. *Gayana (Concepción)*, 89(1), 66-72. <https://doi.org/10.4067/S0717-65382025000100066>
- Figueroa, M. M. (2020). Optimización de la producción de un metabolito redox usando aguas residuales como sustrato [Tesis de maestría, Centro de investigación y desarrollo tecnológico en electroquímica, S.C]. Repositorio CIDETEQ [https://cideteq.repositorioinstitucional.mx/jspui/bitstream/1021/444/1/TESIS%20Ma a y%20Leticia%20Figueroa%20Magallón%20MAE%202020%20r.pdf](https://cideteq.repositorioinstitucional.mx/jspui/bitstream/1021/444/1/TESIS%20Ma%20a%20y%20Leticia%20Figueroa%20Magallón%20MAE%202020%20r.pdf)
- Fuhrman, A, Cram, A. & Needham, M. (2015). Marine microbial community dynamics and their ecological interpretation. *Nature Reviews Microbiology* 13, 133-146. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3417>
- García, M. L., Fernández, J. A., López, R. D., & Cruz, P. T. (2020). Evaluación de la calidad microbiológica de aguas residuales en la costa norte del Perú. *Revista Peruana de Salud Ambiental*, 15(2), 45–53.
- Galaviz, L., Molina, Z. y Iracheta, J. & Mercado, R. (2019). Bacterias marinas antagonistas de *Staphylococcus aureus* y *Vibrio parahaemolyticus*, agentes de enfermedades transmitidas por alimentos. *Investigación y Desarrollo en Ciencia y Tecnología de Alimentos*, 4, 267 – 275. <http://eprints.uanl.mx/23624/1/40.pdf>
- Gómez, R. (2018). Clasificación taxonómica y cultivo de bacterias marinas [Tesis de pregrado, Universidad de Laguna]. Repositorio institucional ULL. <https://riull.ull.es/xmlui/handle/915/9547>
- Huanca Gozme, E. (2024). *Susceptibilidad antibiótica y a metales pesados en Escherichia*

coli aisladas de aguas residuales del Centro Poblado Alto Puno de la ciudad de Puno
[Tesis de licenciatura, Universidad Nacional del Altiplano].

<https://repositorio.unap.edu.pe/items/2d30be78-92c9-42c9-8f1e-18e816a4e84c>

Huayanay-Quevedo, Cinthia M; Aldoradin Basilio, Veronica & Guerra Santa Cruz, Alcides. (2022). Presencia de *Escherichia coli* en la playa Pucusana, Lima, y su potencial efecto en la salud pública. *Acta Médica Peruana*, 39(1), 31-39. http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1728-59172022000100031

Justo, S., Churasacari, T., Saldaña, C., Cajachagua, C., Pabón, L., Gonzales M., Santiago, D., & Guerra A. (2014). Determinación de Géneros Bacterianos en el Mar de la Playa de Cantolao – La Punta. *Revista de Ciencias*, 10, 119-126. https://revistas.urp.edu.pe/index.php/Revista_Ciencias/article/view/584/585

Krell, T., & Matilla, M. A. (2024). *Pseudomonas aeruginosa*. *Trends in microbiology*, 32(2), 216-218. [https://www.cell.com/trends/microbiology/abstract/S0966-842X\(23\)00324-4](https://www.cell.com/trends/microbiology/abstract/S0966-842X(23)00324-4)

León, Jorge, Gracia-Tello P. (1998). “Cepas Nativas Del Bacterioneuston Marino Y Su Actividad Inhibitoria De Bacterias ictiopatógenas”. *Revista Peruana De Biología*, 5 (1): 047-064. <https://doi.org/10.15381/rpb.v5i1.8320>

León, J., Liza, L., Soto, I., Torres, M., & Orosco, A. (2010). Bacterias marinas productoras de compuestos antibacterianos aisladas a partir de invertebrados intermareales. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 27(2), 215-221. http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S172646342010000200009

León, J., Aponte, J., Cuadra, D., Galindo, N., Jaramillo, L., Vallejo, M., & Marguet, E. (2016). Actinomicetos aislados de *Argopecten purpuratus* productores de enzimas extracelulares y con actividad inhibitoria de patógenos marinos. *Revista de Biología Marina y Oceanografía*. 51 (1), 69-80. https://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S07181957201600010000

- López, Sofía, Zea, Sven, & Gómez-León, Javier. (2019). Evaluación in vitro de la formación de biopelículas de bacterias marinas del Caribe colombiano. *Boletín de Investigaciones Marinas y Costeras - INVEMAR*, 48(2), 71-93. <https://doi.org/10.25268/bimc.invemar.2019.48.2.767>.
- Lim, K., Balolong, P., Kim, H., Oh J., Lee, J. & Kang D. (2016). Isolation and characterization of a broad spectrum bacteriocin from *Bacillus amyloliquefaciens* RX7. *BioMed Research International*, 2016, 1-7. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4864540/pdf/BMRI2016-8521476.pdf>
- Majik, M. S., Parvatkar, R. R., Tilvi, S., & Gawas, S. G. (2016). Marine-Derived Fungi: Source of Biologically Potent and Novel Compounds. En *Studies in Natural Products Chemistry* (Vol.47, pp.307-330). Elsevier. https://www.sciencedirect.com/science/chapter/bookseries/abs/pii/B9780444636034_000097
- Moreno, C. (2020). Efecto antibacteriano in vitro de extractos etanólicos de orégano, tomillo y salvia sobre cepas de *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa* con resistencia múltiple [Tesis de grado, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo]. Repositorio Institucional UNPRG. <https://repositorio.unprg.edu.pe/handle/20.500.12893/8421> Institucional UNPRG.
- Paz, V., Mangwani, S., Martínez, A., Álvarez, D, Solano, S., y Vázquez, R., (2019). *Pseudomonas aeruginosa*: patogenicidad y resistencia antimicrobiana en la infección urinaria. *Revista chilena de infectología*, 36(2), 180-189. <https://www.scielo.cl>
- Peña-Pelayo, Y., Gutiérrez-Almada, K., Cervantes-Gámez, R. G., & Aguila-Ramírez, R. N. (2022). Actividad antibacteriana de bacterias aisladas de sistemas hidrotermales de Baja California Sur, México. *Hidrobiológica*, 32(2), 105-115. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0188-88972022000200105
- Pérez, C.; Agnese, A.; Cabrera, J. 1999. The essential oil of *Senecio graveolens*

(Compositae): chemical composition and antimicrobial activity test. *Journal of Ethnopharmacology*, 66: 91 – 96. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10432213/>

Rico, E. (2018). Evaluación de la producción de péptidos antimicrobianos por cepas marinas de *Bacillus* [Tesis de grado, Instituto Politecnico Nacional]. Repositorio Digital IPN. <https://repositoriodigital.ipn.mx/bitstream/123456789/26251/1/ricovir1.pdf>

Rico-Virgen, Erika Guadalupe, Ortiz-Aguirre, Ismael, Hellio, Claire, Rangel-Dávalos, Carlos, Escobedo-Fregoso, Anahí, López-Fuerte, Francisco Omar, Lora-Vilchis, María Concepción, & Aguila-Ramírez, Ruth Noemí. (2024). Antifouling activity of marine bacterial extracts: A non-toxic alternative as biocide. *Revista de biología marina y oceanografía*, 59(1), 39-50. <https://dx.doi.org/10.22370/rbmo.2024.59.1.4456>

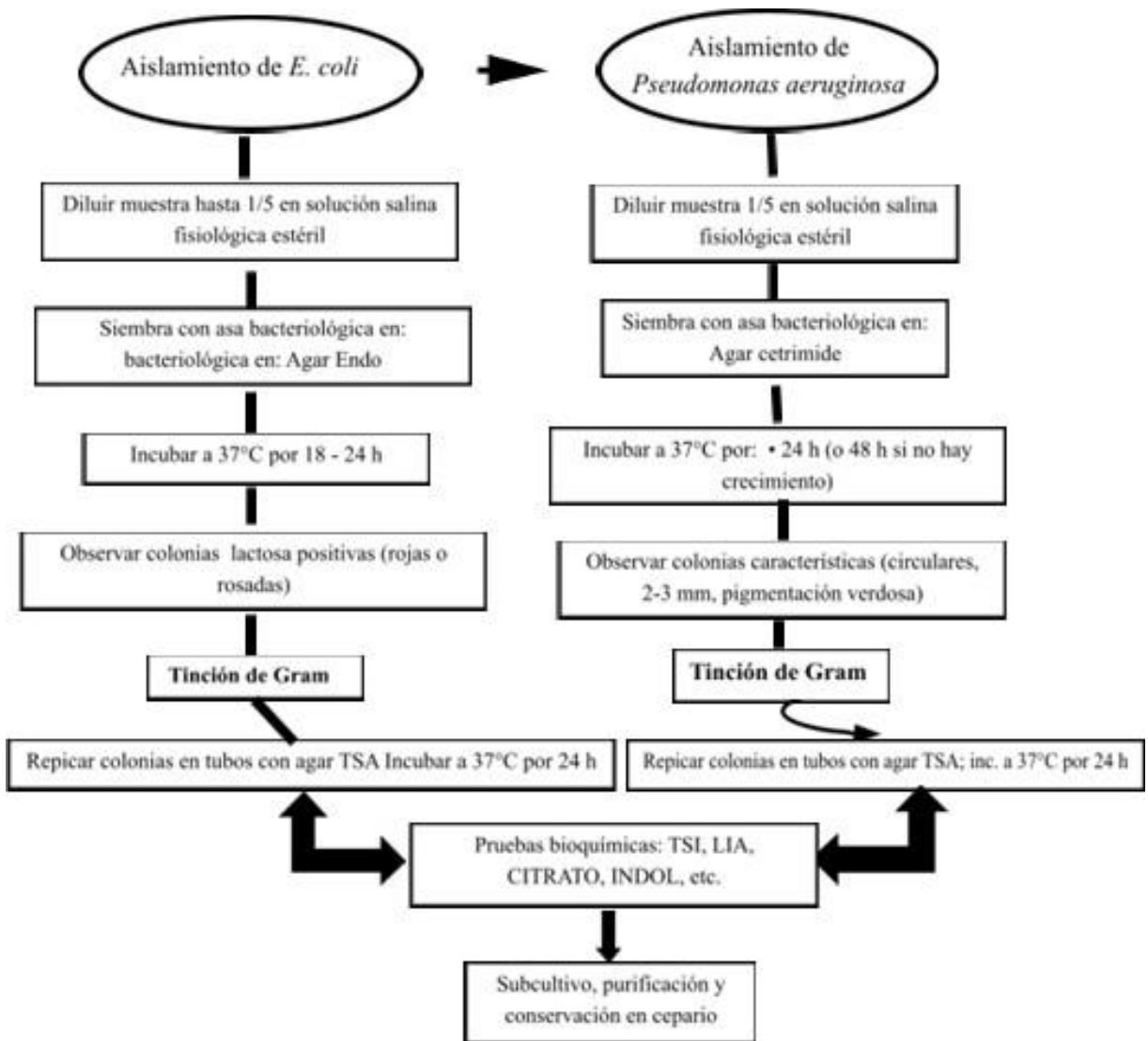
Sathe, N., Beech, P., Croft, L., Suphioglu, C., Kapat, A., & Athan, E. (2023). *Pseudomonas aeruginosa*: Infections and novel approaches to treatment “Knowing the enemy” the threat of *Pseudomonas aeruginosa* and exploring novel approaches to treatment. *Infectious medicine*, 2(3), 178-194. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2772431X2300031X>

ANEXOS

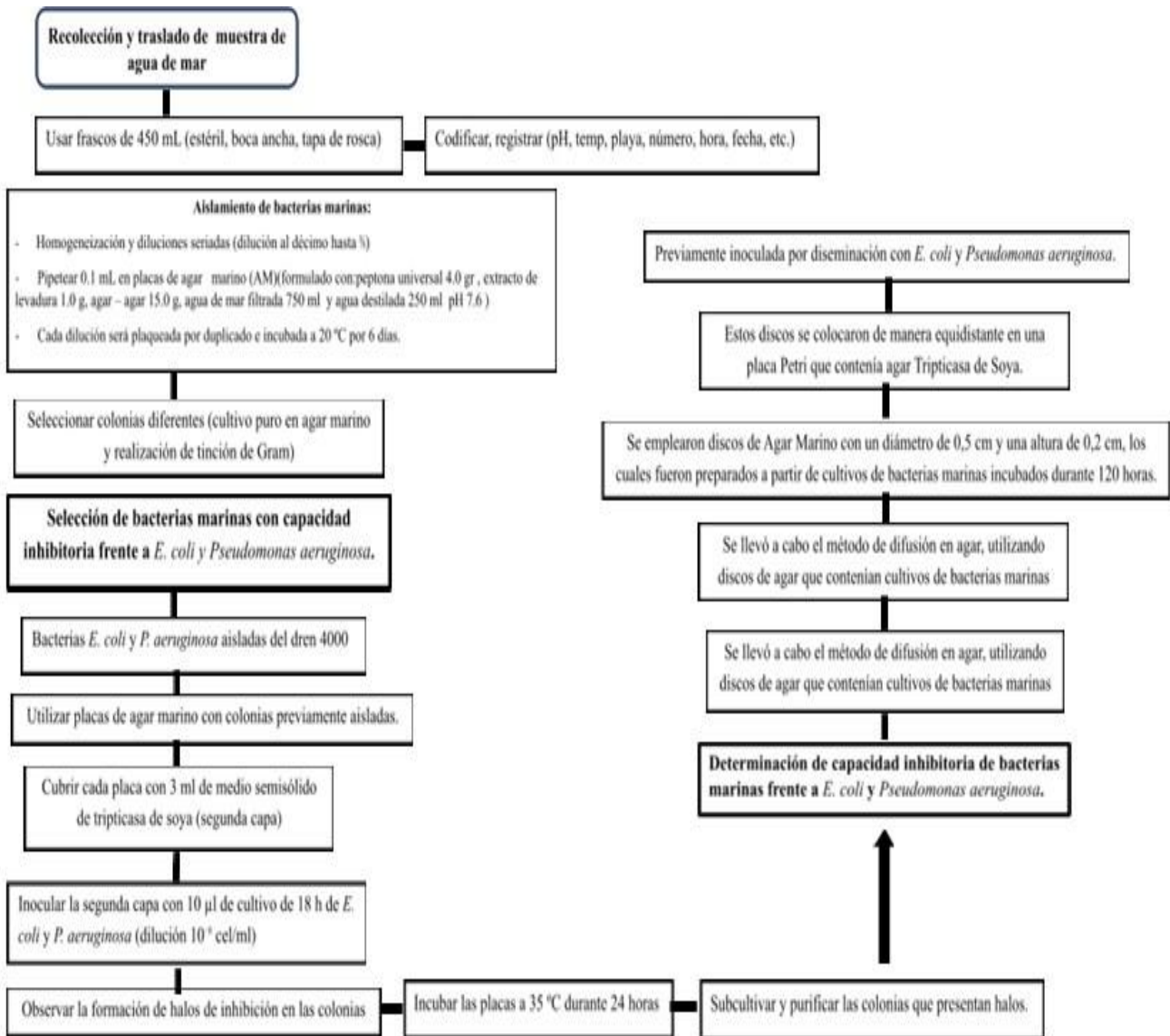
Anexo 1 – Operacionalización de la variable

Categoría de análisis	Definición operacional	Dimensiones	Indicadores	Tipo de variable	Técnica	Escala de medición
Bacterias marinas con capacidad inhibitoria.	Géneros bacterianos aislados del ambiente marino que demuestran la habilidad para inhibir el crecimiento de <i>Escherichia coli</i> y <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	Actividad antibacteriana frente a <i>Escherichia coli</i> y <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Presencia visible de zonas de inhibición en el medio de cultivo. Ausencia de crecimiento de las bacterias patógenas alrededor del cultivo marino.	Cualitativa	Difusión en agar (método de doble capa y discos de agar marino)	Nominal
		Intensidad de inhibición.	Diámetro de la zona de inhibición (mm)	Cuantitativa	Medición con regla	Razón
Cepas de <i>Escherichia coli</i> y <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Las cepas aisladas del Dren 4000 en Santa Rosa - Lambayeque, y son identificadas mediante el cultivo en medios selectivos e identificadas con pruebas bioquímicas.	Características Morfológicas	Forma, color, tipo de reacción en tinción de Gram.	Cualitativa	Observación microscópica y macroscópica	Nominal
		Propiedades Bioquímicas	Resultados en TSI, LIA, CITRATO, INDOL. Tipo de fermentación y pigmentación.	Cualitativa	Pruebas bioquímicas en laboratorio	Nominal

Anexo 2 - :Metodología de Aislamiento e identificación de *E. coli* y *Pseudomonas aeruginosa*



Anexo 3 - Metodología de Bacterias Marinas



Anexo 4 - Descripción del DREN 4000

El Dren 4000 es un canal de drenaje perteneciente al sistema hidráulico de la cuenca Chancay–Lambayeque, localizado en el distrito de Santa Rosa, provincia de Chiclayo, departamento de Lambayeque, Perú. Su función original fue la evacuación de excedentes de riego y aguas superficiales provenientes de zonas agrícolas, con el fin de prevenir la salinización de los suelos. El dren se inicia aproximadamente en el sector de Chosica del Norte, en el distrito de La Victoria, y recorre varios kilómetros hasta desembocar en el océano Pacífico, a la altura de la Caleta Santa Rosa, cuyas coordenadas geográficas aproximadas son 06°52' latitud sur y 79°55' longitud oeste. En su trayecto, el Dren 4000 limita principalmente con áreas agrícolas, zonas urbanas y periurbanas del distrito de Santa Rosa, y hacia su tramo final colinda con el ecosistema marino-costero del litoral lambayecano, presenta un recorrido de 20 Km. Actualmente, el dren recibe descargas de aguas residuales domésticas, agrícolas e industriales sin tratamiento adecuado, lo que ha generado una elevada contaminación microbiológica y química, convirtiéndolo en un foco de riesgo ambiental y sanitario para la población local y el ambiente marino receptor.



Figura 3: Desembocadura del Dren 4000.

Anexo 5 – Zona de muestreo



Figura 4: Zona de muestreo en el mar de la caleta Santa Rosa y desembocadura del Dren 4000

Anexo 6 – Pruebas bioquímicas de bacterias marinas con capacidad inhibitoria

Pruebas bioquímicas	Bacterias marinas					
	<i>Alcaligenes sp.</i>	<i>Bacillus sp.</i>	<i>Micrococcus sp.</i>	<i>Vibrio sp.</i>	<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	<i>Aeromonas sp.</i>
Tinción gran	G (-)	G(+)	G (+)	G (-)	G (-)	G (-)
Crecimiento de Mac Conkey	-	-	-	+	-	+
Crecimiento TCBC	+	-	-	Amarillo	Verde	-
Crecimiento en Agar Marino	+	+	+	+	+	+
Catalasa	+	+	+	+	+	+
Oxidasa	+			+	+	+
TSI	K/A, -,			K/A,+,-	K/A,-,-	K/A,+,-
Glucosa	+	+	-	+	+	+
Gas	-			+	-	+
Sacarosa	+	+		+	-	+
Lactosa	-	+		-	-	-
INDOL	+	-		+	+	-
LIA	K/A, +	A/A, -		K/K,+,-	K/K,-	K/K,-
Citrato	+	-		+	+	+
Motilidad	+	+		+	+	+
H ₂ S	+	-		-	-	-
0-F	F	F	-	F	F	F
Urea	+	-		-	-	-
Nitrato	-	+		+	+	+
Gelatina	-	-	+	+	+	+
Almidón	+	+		-	+	+
Caseína	+	+		-	+	+
Pigmentación de colonias	SP			SP	SP	SP
NaCl 0%	-				-	+
NaCl 3%	+				+	+
NaCl 8%	+				+	+
NaCl 0%	-				-	

Anexo 7- Toma de muestra



Figura 5: Toma de muestra en la desembocadura del Dren 4000



Figura 6: Toma de pH, temperatura y almacenamiento de las muestras



A



B

Figura 7: Toma de muestra de agua de mar



Figura 8: Medición y marcaje de los zonas y puntos para la toma de muestra

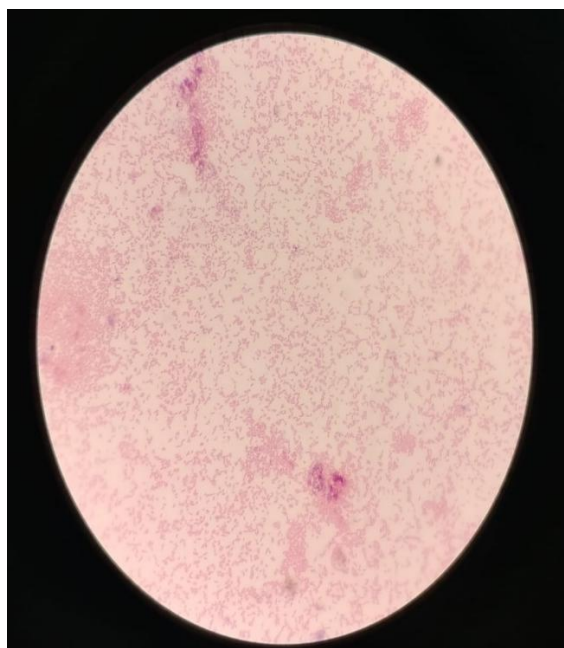
Anexo 8 - Aislamiento e identificación de *E. coli* y *Pseudomonas aeruginosa*



A



B



C



D

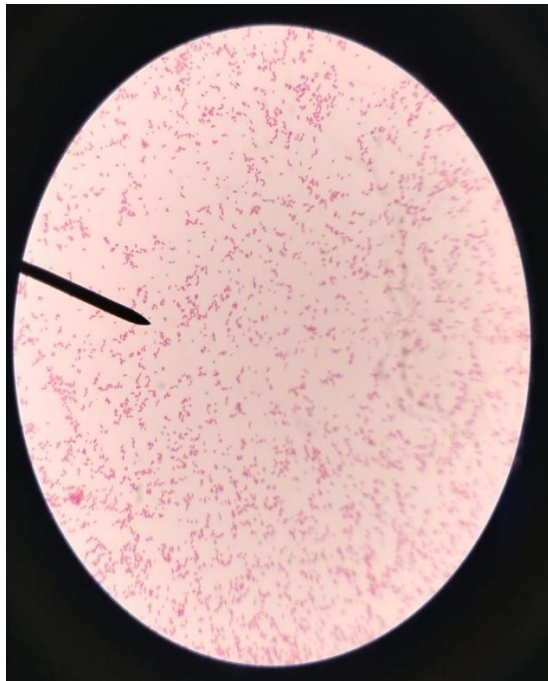
Figura 9: Aislamiento e identificación de *Pseudomonas aeruginosa*



A



B



C



D

Figura 10: Aislamiento e identificación de *E. coli*

Anexo 9 – Siembra y aislamiento de Bacterias marinas



A



B



C



D

Figura 11: Siembra y aislamiento de Bacterias marinas

Anexo 10 - Promedios de halos de inhibición para *Escherichia coli* y *Pseudomonas aeruginosa*

A. *Pseudomonas aeruginosa*

Bacterias marinas	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>									Promedio
	PS1	PS2	PS3	PS4	PS5	PS6	PS7	PS8	PS9	
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 1	8	9	7	8	9	10	7	7	8	8.11111111
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 2	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 3	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 4	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP

Bacterias marinas	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>									Promedio
	PS1	PS2	PS3	PS4	PS5	PS6	PS7	PS8	PS9	
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 1	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 2	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 3	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 4	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 5	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 6	9	8	12	11	11	10	11	11	11	10.4444444
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 7	8	7	12	12	11	11	12	9	10	10.2222222
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 8	10	11	11	12	12	12	12	12	11	11.4444444
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 9	12	12	11	10	12	12	11	11	13	11.5555556
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 10	10	12	10	9	10	12	12	11	12	10.8888889
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 11	9	10	11	10	9	10	10	12	11	10.2222222
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 12	11	12	12	13	12	12	12	12	12	12
total										10.968254

Bacterias marinas	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>									Promedio
	PS1	PS2	PS3	PS4	PS5	PS6	PS7	PS8	PS9	
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 1	8	9	7	8	9	10	7	7	8	8.11111111
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 2	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 3	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 4	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP

Bacterias marinas	<i>Pseudo monas aeruginosa</i>									Promedio
	PS1	PS2	PS3	PS4	PS5	PS6	PS7	PS8	PS9	
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 1	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 2	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 3	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 4	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 5	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 6	9	8	12	11	11	10	11	11	11	10.4444444
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 7	8	7	12	12	11	11	12	9	10	10.2222222
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 8	10	11	11	12	12	12	12	12	11	11.4444444
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 9	12	12	11	10	12	12	11	11	13	11.5555556
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 10	10	12	10	9	10	12	12	11	12	10.8888889
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 11	9	10	11	10	9	10	10	12	11	10.2222222
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 12	11	12	12	13	12	12	12	12	12	12
total										10.968254

Bacterias marinas	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>									Promedio
	PS1	PS2	PS3	PS4	PS5	PS6	PS7	PS8	PS9	
<i>Vibrio parahaemolyticus</i> cepa 1	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio parahaemolyticus</i> cepa 2	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP

Bacterias marinas	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>									Promedio
	PS1	PS2	PS3	PS4	PS5	PS6	PS7	PS8	PS9	
<i>Micrococcus sp.</i> Cepa 1	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Micrococcus sp.</i> Cepa 2	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Micrococcus sp.</i> Cepa 3	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Micrococcus sp.</i> Cepa 4	10	11	11	11	12	10	9	10	10	10.4444444
<i>Micrococcus sp.</i> Cepa 5	10	11	11	11	11	10	10	11	10	10.5555556
total										10.5

Bacterias marinas	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>									Promedio
	PS1	PS2	PS3	PS4	PS5	PS6	PS7	PS8	PS9	
<i>Bacillus sp.</i> Cepa 1	12	14	13	13	14	12	14	13	13	13.1111111
<i>Bacillus sp.</i> Cepa 2	12	10	14	12	12	12	12	13	13	12.2222222
<i>Bacillus sp.</i> Cepa 3	14	14	14	15	14	14	13	12	13	13.6666667
<i>Bacillus sp.</i> Cepa 4	12	14	13	13	13	13	12	13	12	12.7777778
total										12.9444444

Bacterias marinas	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>									Promedio
	PS1	PS2	PS3	PS4	PS5	PS6	PS7	PS8	PS9	
<i>Aeromonas sp.</i> cepa 1	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Aeromonas sp.</i> cepa 2	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP

Bacterias marinas	<i>Pseudo monas aeruginosa</i>									Promedio
	PS1	PS2	PS3	PS4	PS5	PS6	PS7	PS8	PS9	
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 1	16	15	16	16	15	15	15	16	16	15.555556
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 2	16	17	17	16	16	16	17	16	15	16.222222
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 3	14	15	16	15	16	15	16	15	16	15.333333
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 4	17	17	16	17	17	16	17	17	17	16.777778
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 5	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 6	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
										15.972222

B. *Escherichia. Coli*

Bacterias marinas	<i>Escherichia coli</i>										PROMEDIO
	EC1	EC2	EC3	EC4	EC5	EC6	EC7	EC8	EC9	EC10	
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 1	12	13	12	13	11	13	12	12	13	12	12.3
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 2	13	13	14	14	12	13	11	13	13	12	12.8
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 3	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Alcaligenes sp.</i> - cepa 4	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
											12.55

Bacterias marinas	<i>Escherichia coli</i>										PROMEDIO
	EC1	EC2	EC3	EC4	EC5	EC6	EC7	EC8	EC9	EC10	
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 1	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 2	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 3	14	14	15	16	15	15	16	14	15	15	14.9
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 4	14	15	13	13	14	15	15	14	14	14	14.1
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 5	14	15	15	15	16	16	15	16	13	16	15.1
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 6	13	14	13	13	14	14	13	13	14	14	13.5
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 7	16	16	15	16	17	15	17	15	16	17	16
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 8	13	14	14	15	15	15	15	15	14	15	14.5
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 9	16	15	16	16	16	15	15	16	15	16	15.6
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 10	15	13	14	14	15	15	16	14	15	15	14.6
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 11	16	16	16	16	15	16	16	15	16	15	15.7
<i>Vibrio sp.</i> Cepa 12	14	16	15	15	15	15	16	15	15	16	15.2
total											14.92222222

Bacterias marinas	<i>Escherichia coli</i>										PROMEDIO
	EC1	EC2	EC3	EC4	EC5	EC6	EC7	EC8	EC9	EC10	
<i>Vibrio parahaemolyticus</i> cepa 1	9	10	10	10	10	9	9	8	10	10	9.5
<i>Vibrio parahaemolyticus</i> cepa 2	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP

Bacterias marinas	<i>Escherichia coli</i>										PROMEDIO
	EC1	EC2	EC3	EC4	EC5	EC6	EC7	EC8	EC9	EC10	
<i>Micrococcus sp.</i> Cepa 1	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Micrococcus sp.</i> Cepa 2	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
<i>Micrococcus sp.</i> Cepa 3	12	13	13	13	12	13	13	13	12	13	12.7
<i>Micrococcus sp.</i> Cepa 4	11	11	12	12	13	13	13	13	12	12	12.2
<i>Micrococcus sp.</i> Cepa 5	11	12	12	11	12	11	11	12	11	12	11.5
total											12.13333333

Bacterias marinas	<i>Escherichia coli</i>										PROMEDIO
	EC1	EC2	EC3	EC4	EC5	EC6	EC7	EC8	EC9	EC10	
<i>Bacillus sp.</i> Cepa 1	11	13	14	11	11	12	11	11	12	12	11.8
<i>Bacillus sp.</i> Cepa 2	11	12	12	12	13	13	13	12	12	13	12.3
<i>Bacillus sp.</i> Cepa 3	12	13	13	13	13	13	12	12	12	13	12.6
<i>Bacillus sp.</i> Cepa 4	11	11	12	12	11	11	12	11	11	12	11.4
total											12.025

Bacterias marinas	<i>Escherichia coli</i>										PROMEDIO
	EC1	EC2	EC3	EC4	EC5	EC6	EC7	EC8	EC9	EC10	
<i>Aeromonas sp.</i> cepa 1	10	10	9	9	10	10	9	9	9	10	9.5
<i>Aeromonas sp.</i> cepa 2	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP

Bacterias marinas	<i>Escherichia coli</i>										PROMEDIO
	EC1	EC2	EC3	EC4	EC5	EC6	EC7	EC8	EC9	EC10	
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 1	18	18	18	19	19	18	19	19	19	18	18.5
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 2	16	18	18	18	17	18	18	18	19	19	17.9
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 3	17	18	17	17	18	19	18	17	17	17	17.5
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 4	18	17	18	18	18	18	18	18	16	16	17.5
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 5	18	18	19	18	19	19	18	19	19	18	18.5
<i>Streptomyces sp.</i> Cepa 6	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP	NP
											17.98