

Exploración de arqueas productoras de metano en tapetes microbianos en la salinera de Guerrero Negro

Exploration of methane-producing archaea in
microbial mats in the Guerrero Negro salt mine



Recursos Naturales y Sociedad, 2023. Vol. 9 (3): 137-149, <https://doi.org/10.18846/renaysoc.2023.09.09.03.0011>

Patricia J. Ramírez-Arenas¹, José Q. García-Maldonado², Ricardo Vázquez Juárez¹, Alejandro López Cortés^{1*}

¹Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C., Instituto Politécnico Nacional 195, Col. Playa Palo de Santa Rita Sur, C.P. 23096, La Paz, Baja California Sur, México

²Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional / Unidad Mérida, Yucatán, México.

* Autor de correspondencia: alopez04@cibnor.mx



Resumen

En los estanques de concentración de la salinera Exportadora de Sal S.A., en Guerrero Negro, B.C.S., se desarrollan estructuras laminadas que se conocen como tapetes microbianos, y están constituidos por organismos microscópicos denominados bacterias y arqueas. Las arqueas fueron reconocidas como un tercer dominio de la vida a finales de los años 70's del siglo pasado. Son distintas a las bacterias y a los eucariontes, donde se encuentran los hongos, insectos, animales y plantas. Las arqueas de Guerrero Negro se diferencian de aquellas de otros hábitats por su elevada afinidad a la salinidad. En este trabajo se reporta por primera vez una propuesta del proceso de degradación de materia orgánica en tapetes microbianos hipersalinos, basado en diferentes grupos de bacterias y arqueas, a través de su detección e identificación por secuencias del gen 16S ARNr, que es a una molécula que contiene información genética específica de bacterias y arqueas. Con estos resultados se presenta una propuesta de la estrategia que pudieran llevar a cabo las bacterias que habitan en los tapetes microbianos de ambientes hipersalinos para apoyar de manera cooperativa a las arqueas productoras de metano, lo cuál había sido poco explorado en estudios anteriores y es de gran relevancia para comprender el ciclo global del carbono y cambio climático de nuestro planeta.

Palabras clave: Guerrero Negro, metanógenas, tapetes microbianos hipersalinos, comunidad microbiana

Abstract

Below the concentration ponds of the Exportadora de Sal S.A. salt mine, in Guerrero Negro, B.C.S. are developed laminated structures known as microbial mats that are constituted by

microscopic organisms called bacteria and archaea. Archaea were recognized as a third domain of life in the late 1970s. These tiny organisms are different from bacteria and eukaryotes, where fungi, insects, animals, and plants are found. Singularly, the archaea of Guerrero Negro differ from those of other habitats due to their high affinity for salinity. This work reports for the first time a proposal for the degradation process of organic matter in hypersaline microbial mats, based on different groups of bacteria and archaea, through its detection and identification by sequences of the 16S rRNA gene, which is a molecule containing genetic information specific from bacteria and archaea. With these results, is proposed a scheme for the strategy that the bacteria that inhabit the microbial mats of hypersaline environments could carry out to cooperatively support the methane-producing archaea, which had been little explored in previous studies and is of

interest. great relevance to understand the global carbon cycle and climate change of our planet.

Key words: Guerrero Negro, methanogens, hypersaline microbial mats, microbial community

Introducción

Poco abundantes en comparación con las bacterias, pero ampliamente distribuidas en todos los entornos imaginables del planeta Tierra, se han detectado aqueas capaces de producir metano incluso en ambientes con altas concentraciones de sal como los estanques de concentración de la salinera en Guerrero Negro, Baja California Sur, México. A pesar de haber sido detectadas en tapetes microbianos (Figura 1) desde hace muchos años, fue recientemente que se ha comenzado a explorar su identidad, sus capacidades metabólicas para aprovechar ciertos sustratos y la función ecológica de estos diminutos organismos en tales entornos. A continuación, se plantea con base a la literatura y del análisis bioinformático de fragmentos de ADN del gen 16S ARNr, la reconstrucción de un proceso cooperativo entre diferentes grupos de microorganismos asociados a la degradación de la materia orgánica que resulta en biogás (metano, dióxido de carbono e hidrógeno).



Figura 1. Muestra de tapete microbiano laminado de Exportadora de Sal, S.A. Guerrero Negro, B.C.S.

En condiciones de salinidad por arriba a la del agua de mar (hipersalinidad), las actividades metabólicas microbianas para la generación de energía y el crecimiento celular se ven afectadas y disminuidas en comparación con las condiciones de menor salinidad (Javor, 1989; Paerl y Yannarell, 2010; Pinckney *et al.* 1995), de modo que es considerada un factor modulador de la diversidad biológica en estos ambientes. Para sobrellevar esta adversidad, algunos microorganismos han desarrollado tres sistemas de adaptación que les permiten regular la presión osmótica externa y evitar la deshidratación y en consecuencia su muerte.

El primero tiene lugar en la composición lipídica de las membranas; el segundo mecanismo radica en el transporte y acumulación de iones de sodio (Na^+) y potasio (K^+) al interior de la célula, en lugar de excluir la sal (Sun *et al.* 2019), y el tercero consiste en la producción de moléculas



denominadas osmoreguladores, un comportamiento muy particular de las arqueas halófilas (Javor, 1989). Con el desarrollo de tecnologías de secuenciación masiva y de las bases de datos para los análisis bioinformáticos, ha sido posible detectar dentro de toda la diversidad de bacterias (Figura 2) y de arqueas (Figura 3), dos grupos de arqueas productoras de metano capaces de prosperar en los tapetes microbianos de Guerrero Negro, que son diferentes a cualquier otro microorganismos reportados hasta el momento para este tipo de ambientes.

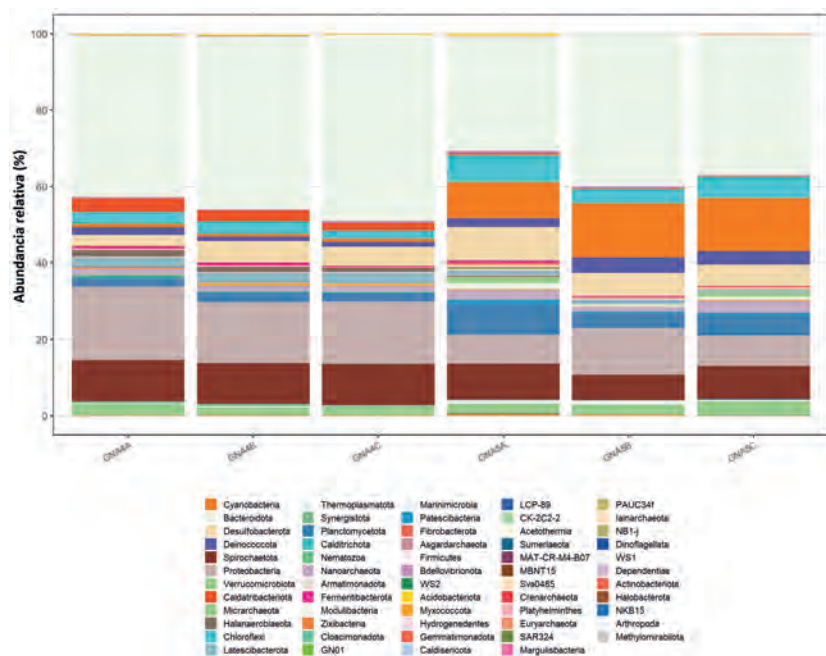


Figura 2. Abundancia relativa a nivel de Phylum de los dominios Bacteria y Arquea en los sitios ESSAA4N1 y ESSAA5N4 de Exportadora de Sal S.A. Las barras muestran la abundancia relativa de (ASVs: variantes de secuencias de amplicón) asignadas a cada Phylum.

Las arqueas metanógenas, como su nombre lo indica, son las responsables de la producción biológica de metano (Figura 4): un potente gas de efecto invernadero clave en el ciclo global del carbono y que influye tanto en flujo de nutrientes, como en el clima del planeta Tierra. Estos microorganismos son capaces de desarrollarse sólo en ausencia de oxígeno (anaerobios estrictos) y obtienen la energía para su crecimiento a partir del

uso de sustratos inorgánicos y orgánicos sencillos, entre los que destaca la mezcla de CO_2/H_2 , el acetato y los compuestos metilados (Söllinger y Ulrich, 2019) desempeñando con ello el paso final de la descomposición de la biomasa en la mayoría de los hábitats.

Aunque la bioquímica de la metanogénesis es relativamente compleja e implica reacciones enzimáticas muy inusuales, estudios recientes han revelado una enorme diversidad dentro de las arqueas metanogénicas. Particularmente, se describieron nuevos grupos capaces de emplear simultáneamente compuestos metilados e hidrógeno para la producción de metano en una vía denominada metil-reductora o metilotrófica dependiente de hidrógeno. Esta vía, que difiere de los procesos bien conocidos de metanogénesis que usa hidrógeno (vía hidrogenotrófica), acetato (vía acetoclástica) y compuestos

metilados (vía metilotrónica clásica), no había sido evaluada de forma sistemática en los tapetes microbianos hipersalinos de ESSA, Guerrero Negro.

Mientras que muchas arqueas son capaces de vivir en ambientes con altas concentraciones de sal y otras de producir metano, solo unas pocas pueden hacer ambas cosas. Este trabajo es de gran valor y puede proporcionar información relevante para comprender cómo funciona esta recién descubierta clase de arqueas en el medio ambiente.

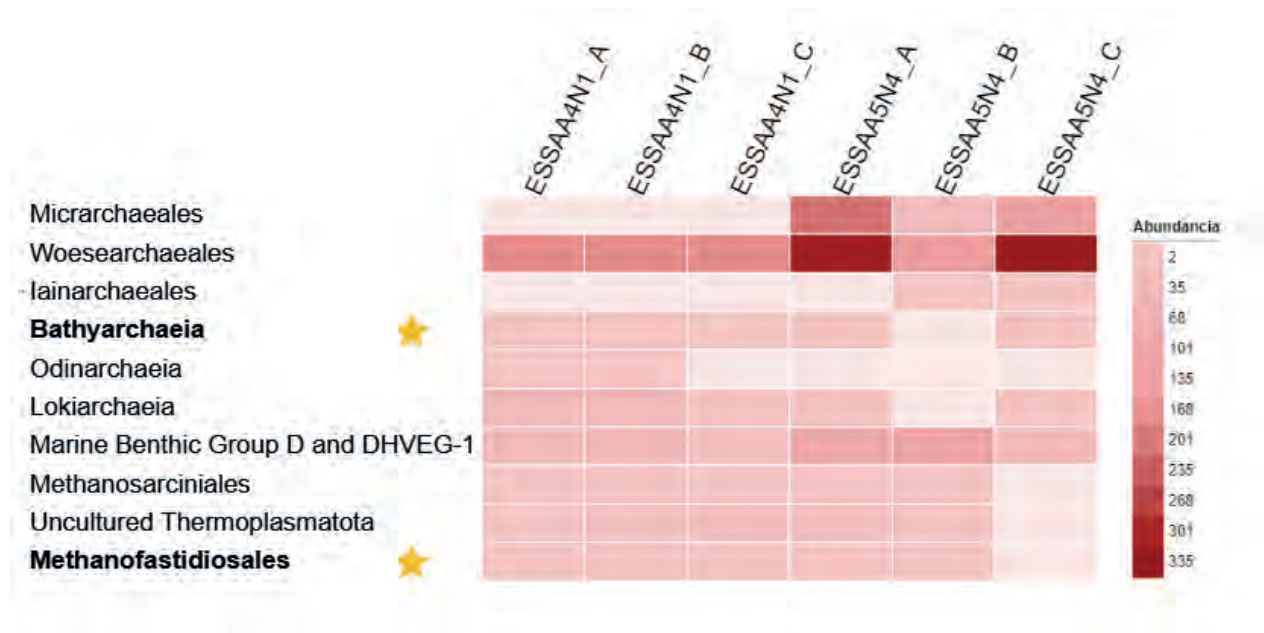


Figura 3. Abundancia de los grupos de arqueas a nivel de Orden detectados en las muestras de tapetes microbianos (dos sitios por triplicado), la mayoría de ellas con valores <0,1% de la comunidad total. En el eje superior de la X se indican las muestras ordenadas jerárquicamente por área, el orden se representa en el eje Y y su correspondiente abundancia se indica en la cuadrícula del mapa de calor. La estrella dorada señala aquellos grupos con potencial metanogénico distintos a *Methanosarcinales*.

Metanogénesis en ambientes hipersalinos

A la fecha, existe mucha literatura experimental y teórica sobre el proceso de metanogénesis en ecosistemas hipersalinos. Dado que se trata de un entorno hostil y altamente competitivo, la competencia por los sustratos determina en gran medida la persistencia de los grupos microbianos que en él habitan. En el caso específico de los tapetes microbianos, las relaciones que se establecen entre especies diferentes están determinadas por el impulso fundamental de cada grupo para promover su propia supervivencia. Por ejemplo, algunos grupos microbianos desarrollan asociaciones estrechas de cooperación con otros grupos y dependen en gran medida de sus aliados; y de manera simultánea pueden desarrollar una rivalidad con otro tipo de microorganismos por

ganar recursos finitos como nutrientes, luz o territorio. La competencia directa de las arqueas metanógenas con bacterias sulfato reductoras por sustratos como el hidrógeno y el acetato, así como la falta de mecanismos de adaptación a la salinidad se cree son los factores más importantes que afectan la metanogénesis hidrogenotrófica y acetoclástica en este tipo de ambientes y se deduce que las tasas de producción de este gas se deben al uso de sustratos no competitivos (p. ej. metanol (MeOH), aminas metiladas, sulfuro de dimetilo, etc.).

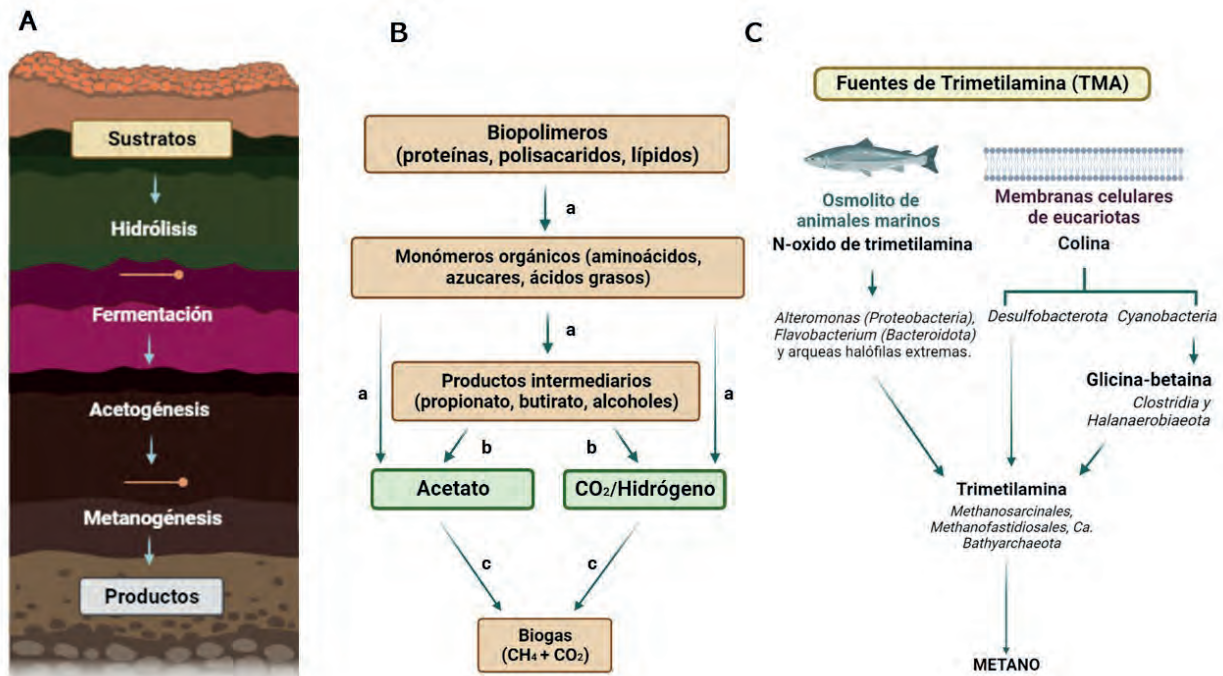


Figura 4. Diagrama esquemático de la secuencia de degradación de la materia orgánica en tapetes microbianos. A) Procesos bioquímicos desempeñados por la compleja comunidad microbiana de los tapetes durante la degradación de la materia orgánica. B) Grupos tróficos: a) bacterias fermentativas; b) bacterias acetogénicas; c) bacterias homoacetogénicas; d) arqueas metanogénicas. CO₂: dióxido de carbono. CH₄: metano. C) Fuentes naturales de trimetilamina cuya degradación permite la formación de metano en este entorno.

Si bien la ocurrencia de arqueas metanógenas metilotróficas con dependencia de hidrógeno también está ligada a la presencia de compuestos metilados, la ausencia de citocromos en su membrana celular hace imposible el transporte de energía química tal y como ocurre en el caso de metilotróficas convencionales, de modo que dependen estrictamente de la donación de electrones del hidrógeno y/o formiato para poder reducir los compuestos metilados hasta metano (Kallistova *et al.* 2020). El requerimiento de hidrógeno por este tipo de microorganismos contribuiría, además, a regular la presión parcial de este gas en el tapete microbiano, un aspecto clave para que otros procesos metabólicos previos (p. ej. el rompimiento de polímeros a monómeros o la fermentación) puedan llevarse a cabo.

Posibles interacciones entre metanógenas y otros grupos microbianos en los tapetes hipersalinos

Los tapetes microbianos albergan una gran diversidad de microorganismos y su bioquímica es bastante compleja, ya que algunos microorganismos requieren de la interacción entre los diferentes grupos, así como el aporte químico y energético en cada uno de los niveles de organización que lo componen. A continuación, se plantea una secuencia de degradación de la materia orgánica en los tapetes microbianos de Guerrero Negro B.C.S. (Figura 4A) con base en la identidad y abundancia relativa de grupos microbianos detectados mediante tecnologías de secuenciación, así como del conocimiento de sus capacidades metabólicas reportadas en la literatura de cada grupo.

Debido a que la estructura química de los polímeros orgánicos, como los polisacáridos, proteínas y lípidos es complicada, el primer paso para su degradación está a cargo de bacterias hidrolíticas, de los phyla *Bacteroidota*, *Fibrobacterota*, *Proteobacteria*, *Spirochaetota* y *Calditrichota* (Figuras 2 y 4B) las cuales rompen las moléculas complejas que resultan en monómeros: aminoácidos, azúcares y ácidos grasos de cadena corta. Posteriormente, los monómeros pueden ser usados como fuente de carbono y energía por microorganismos fermentadores de los phyla *Bacteroidota*, *Spirochaetota*, *Fermentibacterota*, *Proteobacteria*, *Halanaerobiaeota*, *Calditrichota*, *Latescibacterota*, *Deinococcota*, *Synergistota*, *Caldisepticota* y *Chloroflexi* (Figuras 2 y 4B), que resultan en ácidos orgánicos como el propionato y butirato, y son usados por bacterias anaerobias estrictas de los phyla *Firmicutes*, *Desulfobacterota*, *Synergistota*, *Chloroflexi*, *Halanaerobiaeota* y *Fermentibacterota* (Figura 2; 4B y 5), en un tercer evento trófico conocido como acetogénesis que resulta en acetato, dióxido de carbono e hidrógeno. Las arqueas metanogénicas constituyen el último eslabón de la

cadena de microorganismos encargados de asimilar los productos de la acetogénesis como consecuencia de la degradación total de la materia orgánica y reintegrar en el medio moléculas de menor complejidad química para reiniciar el ciclo del carbono.

Durante todo este proceso se lleva a cabo el rompimiento de enlaces químicos a través del cual se “mueven” electrones y se genera energía. Para aprovechar al máximo los recursos energéticos del tapete microbiano, se establecen relaciones cooperativas entre dos o más grupos de microorganismos que trabajan en conjunto para degradar una sustancia que no pueden degradar por sí solos. A esta relación mutualista se le conoce como “*Sintrofía*”. Un ejemplo claro de la sintrofía corresponde a los microbios fermentadores de azúcares y aminoácidos que producen acetato, formiato, e H_2 . Estos compuestos serán consumidos por bacterias reductoras de sulfato y metanógenos



hidrogenotróficos (Morris *et al.* 2013; Qiu *et al.* 2008) (Figura 5). Aunque en bajas abundancias, estas arqueas metanógenas hidrogenotróficas si están presentes en el ambiente hipersalino (García-Maldonado *et al.* 2015), pero son las arqueas metanógenas que emplean como sustrato compuestos metilados como la trimetilamina (TMA) las mejor representadas. Para entender la disponibilidad de TMA que va a ser usada como fuente de energía por arqueas metanógenas metilotróficas, se parte de la forma oxidada de la trimetilamina (TMAO), un osmolito común de peces pelágicos como el atún y la sardina (King, 1988). A partir de la literatura se presume que la forma oxidada de TMA puede ser reducida a TMA por la actividad microbiana de bacterias del género *Alteromonas* (*Proteobacteria*), *Flavobacterium* (*Bacteroidota*) (Barret y Kwan, 1985) y arqueas halófilas extremas (Oren, 1990) del Phylum Euryarchaeota (Figuras 2 y 4C). Además, la

TMA puede ser sintetizada por bacterias sulfato reductoras del Phylum *Desulfobacterota* (Figuras 2 y 4C) a partir de la amina cuaternaria colina, un constituyente de las membranas celulares de eucariotas, o bien, la colina puede ser transformada en glicina-betaína (osmo-regulador) por la actividad de cianobacterias y ésta a su vez, en TMA por fermentación hecha por representantes de los phyla *Clostridia* y *Halanaerobiaeota* (Figuras 2 y 4C) (Oren, 1990). La evidencia que señala a los metanógenos metilotróficos del orden *Methanosarcinales* como los únicos capaces de producir metano a partir de compuestos metilados en el ambiente hipersalino, se ha ampliado e incluye nuevos grupos de arqueas metanogénicas.

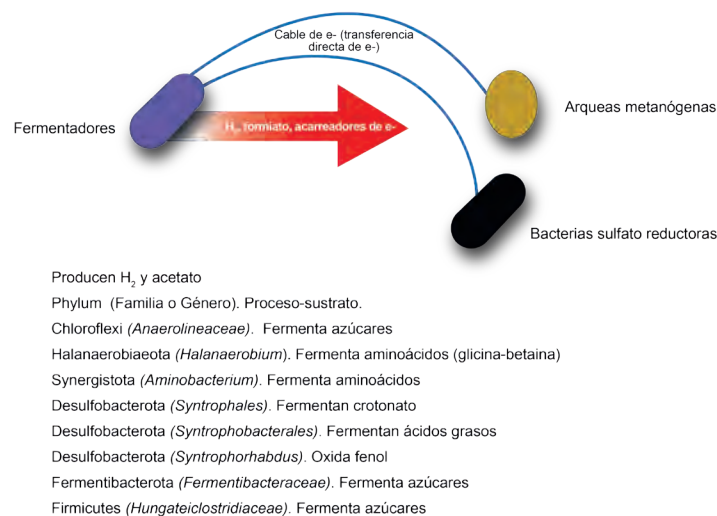


Figura 5. Diagrama de ejemplos de potenciales relaciones simbióticas en tapetes microbianos de ESSA. La línea azul corresponde a la transferencia directa de electrones (e^-).

Grupos microbianos productores de metano nunca antes detectados en ESSA

Se presentan resultados de la secuenciación del gen 16S ARNr, técnica ampliamente utilizada en estudios de filogenia y taxonomía bacterianas, que evidencian la existencia de arqueas del Orden *Methanofastidiosales* (Figuras 3 y 4C) en los tapetes hipersalinos de Guerrero Negro. Debido a cambios en la estructura de su membrana y la carencia de complejos enzimáticos, este tipo de metanógenas son incapaces de reducir los compuestos metilados hasta metano de la misma forma en que lo hacen los metanógenos metilotróficos convencionales, *Methanosarcinales* (Thauer *et al.* 2008).

Los miembros de *Methanofastidiosales* emplean tioles metilados

como sustrato y dependen de la donación de electrones por parte del hidrógeno. Contemplando que un tiol metilado se compone químicamente de azufre, carbono e hidrógeno ($\text{CH}_3\text{-SH}$), su empleo por parte de este grupo microbiano no sólo establecería un puente entre los ciclos de carbono y azufre en ambientes ricos en materia orgánica como éstos, sino que además contribuiría a la regulación de la presión parcial de H_2 en el tapete propiciando una potencial competencia con los microorganismos reductores de sulfato.

Secuencias asociadas al orden *Bathyarchaeia* también fueron identificadas en los tapetes microbianos hipersalinos de Guerrero Negro (Figura 3). Pese a tratarse de un grupo microbiano con una historia evolutiva muy distinta a la de los metanógenos, el hallazgo de genes cuya secuencia de nucleótidos presentan alta similitud sugiere que comparten la misma función de aquellos



Foto: Dispositivo para medir el desplazamiento de volumen para estimar la producción de biogas (metano, dióxido de carbono e hidrógeno), en botellas que contienen muestras de tapete microbiano. La botella invertida contiene una solución de NaOH 1N, que funciona para atrapar el dióxido de carbono. El gas (metano) que desplaza el volumen de NaOH se mide en la probeta de lado derecho.

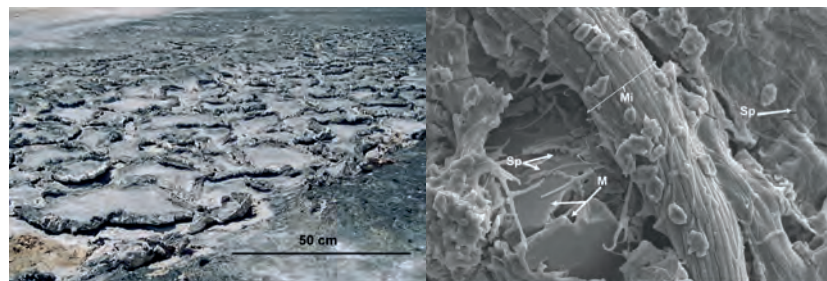


necesarios para el metabolismo del metano, hecho que apunta a que utilizan una vía metanogénica basada en el uso de compuestos metilados para la obtención de energía (Evans *et al.* 2015). Asimismo, y dado que requieren una fuente de carbono orgánico externo para su crecimiento, también se podrían encontrar en asociación sintrófica con bacterias fermentadoras que producen acetato y propionato.

Discusión Académica

Se propone que la degradación de la materia orgánica en tapetes microbianos que resulta en metano, dióxido de carbono e hidrógeno (biogás), involucra cuatro procesos bioquímicos (hidrólisis, fermentación, acetogénesis y metanogénesis), representados por una gran diversidad de bacterias asociadas a arqueas metanogénicas (Figura 4). Se confirmó que las arqueas metanogénicas halófilas dominantes en el ambiente hipersalino fueron

del orden *Methanosarcinales* caracterizadas por emplear TMA como fuente de carbono y energía (García-Maldonado *et al.* 2012, 2015). Así mismo, los resultados sugieren la participación de arqueas metanogénicas que emplean tioles metilados con dependencia de hidrógeno, representadas por miembros del Orden *Methanofastidiosales*, en la mineralización completa de la materia orgánica. Dicha capacidad se presume podría estar presente incluso en algunos representantes del orden *Bathyarchaeia*, que también fue identificado en este trabajo. Estas características fisiológicas y evolutivas colocan a estos grupos en el centro de atención de los estudios actuales de Ecología Microbiana y fomenta nuevas exploraciones de su impacto en el ciclo biogeoquímico del carbono y su papel ecológico en la degradación completa de la materia orgánica.



Fotos: Izquierda. Vista de campo que muestra los polígonos de desecación correspondientes a tapetes microbianos. Derecha. Micrografía de microscopía electrónica de barrido que muestra un paquete de cianobacterias filamentosas del género *Microcoleus* (Mi), cianobacterias de forma helicoidal del género *Spirulina* (Sp) y su asociación con minerales (M).

Consideraciones finales y perspectivas

Las arqueas detectadas en los tapetes hipersalinos de Guerrero Negro desempeñan un papel esencial para el funcionamiento, estabilidad y resiliencia de las comunidades microbianas que los componen, actuando como reservorios casi ilimitados de diversidad genética y funcional e impulsando los ciclos biogeoquímicos a escala global. Sin embargo, para ampliar el conocimiento acerca de la diversidad y distribución de arqueas metanogénicas con bajas abundancias relativas y con metabolismo metilotrófico dependiente de hidrógeno en los

ambientes hipersalinos, es esencial abordar el estudio de estas comunidades a través de otras herramientas genómicas (*p. ej.* secuenciación de todos los genes de los microorganismos presentes). De este modo se amplía la posibilidad de acceder a nuevas concepciones de la diversidad filogenética y funcional de microorganismos no cultivables, así como características emergentes de estas comunidades con potenciales aplicaciones biotecnológicas, como la producción de un combustible alternativo al petróleo, denominado biogás.

Agradecimientos

Este trabajo fue desarrollado con el apoyo del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, a través del Proyecto Ciencia de Frontera FORDECYT-PRONACES, CF-2019-848287, “*Investigaciones modernas de la biosfera rara en ambientes hipersalinos: Desentrañando la diversidad y el metabolismo poco explorado de las arqueas metanogénicas*” asignado al Dr. Alejandro López Cortés, Dr. José Q. García Maldonado y la Dra. Maurilia Rojas Contreras.

Literatura citada

- Barret, E.L. y Kwan, H.S. 1985. *Bacterial reduction of trimethylamine oxide*. Annals Review Microbiology 39: 131-149.
- Evans, P.N., Parks, D.H., Chadwick, G.L., Robbins, S.J., Orphan, V.J., Golding, S.D., Tyson, G.W. 2015. *Methane metabolism in the archaeal phylum Bathyarchaeota revealed by genome-centric metagenomics*. Science 350: 434-438.
- García-Maldonado, J., Bebout, B., Celis, L., López-Cortés, A. 2012. *Phylogenetic diversity of methyl-coenzyme M reductase (mcrA) gene and methanogenesis from trimethylamine in hypersaline environments*. International Microbiology 15: 33-41.
- García-Maldonado, J., Bebout, B., Everroad, R., López-Cortés, A. 2015. *Evidence of novel phylogenetic lineages of methanogenic Archaea from hypersaline microbial mats*. Microbial Ecology 69: 106-117.
- Javor, B. 1989. *Hypersaline Environments: Microbiology and Biogeochemistry*, Brock Springer Series in Contemporary Bioscience. Heidelberg, Alemania. 281 pp.
- Kallistova, A., Merkel, A., Kanapatskiy, T., Boltyanskaya, Y., Tarnovetskii, I., Perevalova, A., Kevbrin, V., Samylina, O., Pimenov, N. 2020. *Methanogenesis in the Lake Elton saline aquatic system*. Extremophiles 24: 657–672.



- King G. M. 1988. *Distribution and metabolism of quaternary amines in marine sediments*. pp. 143-173. En T. H. Blackburn and J. Sorensen (Eds.) *Nitrogen Cycling in Coastal Marine Environments*. SCOPE Series 33, J. Wiley & Sons. Dinamarca. 488 pp.
- Morris, B.E.L., Henneberger, R., Huber, H. Y Moissi-Eichinger. 2013. *Microbial syntrophy: interactions for the common good*. FEMS Microbiology Review 37: 384-406.
- Oren, A. 1990. *Formation and breakdown of glycine betaine and trimethylamine in hypersaline environments*. Antonie van Leeuwenhoek 58: 291-298.
- Paerl, H.W., Yannarell, A.C. 2010. *Environmental dynamics, community structure and function in a hypersaline microbial mat*. pp. 421-442. En: Seckbach, J., Oren, A. (Eds.). *Microbial Mats: Modern and Ancient Microorganisms in Stratified Systems, Cellular Origin, Life in Extreme Habitats and Astrobiology*. Springer Netherlands. Dordrecht, Países Bajos. 319 pp.
- Pinckney, J., Paerl, H. W., Fitzpatrick, M. 1995. *Impacts of seasonality and nutrients on microbial mat community structure and function*. Marine Ecology Progress Series 123: 207-216.
- Qiu, Y., Hanada, S., Ohashi, A., Harada, H., Kamagata, Y. y Sekiguchi, Y. 2008. *Synthophorhabdus aromaticivorans* gen. nov., sp. nov., the first cultured anaerobe capable of degrading phenol to acetate in obligate syntrophic associations with a hydrogenotrophic methanogen. *Applied and Environmental Microbiology* 74: 2051-2058.
- Söllinger, A. y Urich, T. 2019. *Methylophilic methanogens everywhere – physiology and ecology of novel players in global methane cycling*. Biochemical Society Transactions 47: 1895-1907.
- Sun, J., Mausz, M.A., Chen, Y. and Giovannoni, S.J. 2019. *Microbial trimethylamine metabolism in marine environments*. *Environmental Microbiology* 21: 513-520.
- Thauer, R.K., Kaster, A.K., Seedorf, H., Buckel, W., Hedderich, R. 2008. *Methanogenic archaea: ecologically relevant differences in energy conservation*. *Nature Reviews Microbiology* 6: 579-591.

Cita:

Ramírez-Arenas, P.J., García-Maldonado, J.Q., Vázquez Juárez, R., y A. López Cortés. Exploración de arqueas productoras de metano en tapetes microbianos en la salinera de Guerrero Negro. *Recursos Naturales y Sociedad*, 2023. Vol. 9 (3): 137-149. <https://doi.org/10.18846/renaysoc.2023.09.09.03.0011>

Sometido: 19 Agosto de 2022

Aceptado: 17 Diciembre 2022

Editor Asociado: Dra María del Carmen Blázquez Moreno

Diseño gráfico editorial: Lic. Gerardo Hernández

Fotos de portada: AAB6F129-5E80-4D14-BC1F-306ADA121229_1_105_c.jpeg, Comunidades microbianas_fig8.tiff, (CIBNOR), GeurreroNegro_cons2.jpg, (CIBNOR), La_Salinera_de_Guerrero_Negro,_ Mulegé,_Baja_California_Sur_(21117042725).jpg