

Ciencias Marinas descargo de responsabilidad: El contenido proporcionado en el material complementario es la responsabilidad de los autores. Para aclaraciones o consultas, favor de contactar al autor de correspondencia.

Material suplementario

Explorando la comunidad microbiana y el potencial biotecnológico de la esponja

***Xestospongia* sp. de una cueva anquialina de la Península de Yucatán**

Pablo Suárez-Moo¹, Ninette C García-Martínez¹, Norma A Márquez-Velázquez¹, Mario Figueroa², Eric Allen³, Alejandra Prieto-Davó^{1*}

¹ Unidad de Química-Sisal, Facultad de Química, Universidad Nacional Autónoma de México, 97356 Sisal, Yucatán, México.

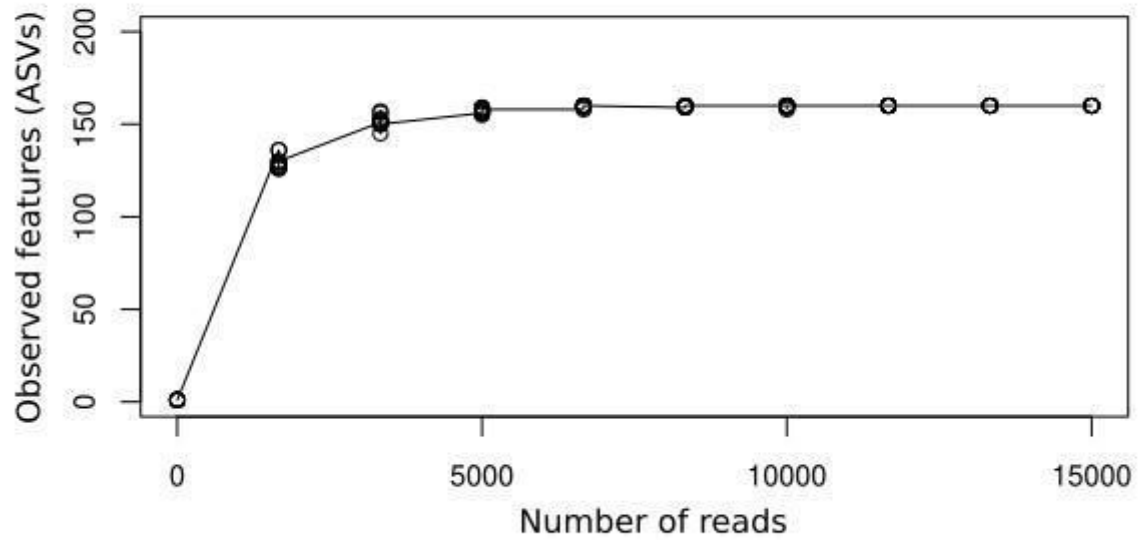
² Facultad de Química, Universidad Nacional Autónoma de México, 04510 Ciudad de México, México.

³ Scripps Institution of Oceanography, University of California, 92093 San Diego, California, Estados Unidos de América.

*Autor de correspondencia. Email: apdavo@unam.mx

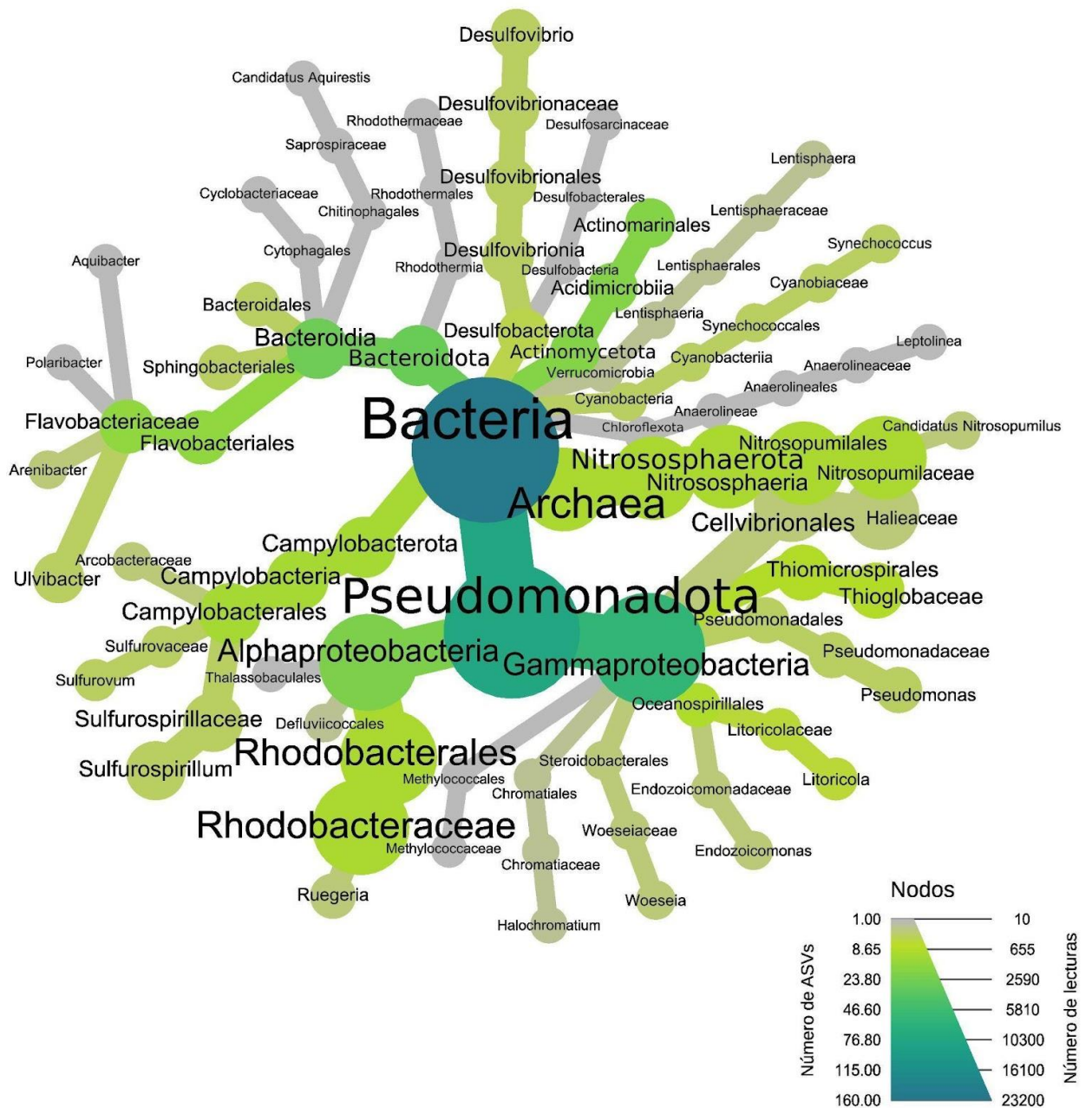
Ciencias Marinas descargo de responsabilidad: El contenido proporcionado en el material complementario es la responsabilidad de los autores. Para aclaraciones o consultas, favor de contactar al autor de correspondencia.

Figura S1. Curva de rarefacción de los ASV observados en *Xestospongia* sp.



Ciencias Marinas descargo de responsabilidad: El contenido proporcionado en el material complementario es la responsabilidad de los autores. Para aclaraciones o consultas, favor de contactar al autor de correspondencia.

Figura S2. Árbol de calor que muestra la diversidad taxonómica de la comunidad microbiana asociada a *Xestospongia* sp. El ancho y el color del nodo indican el número de lecturas asignadas a cada taxón.



Ciencias Marinas descargo de responsabilidad: El contenido proporcionado en el material complementario es la responsabilidad de los autores. Para aclaraciones o consultas, favor de contactar al autor de correspondencia.

Tabla S1. Valores de cobertura y anotación taxonómica de los cóntiges metagenómicos asociados con el genoma completo de la mitocondria.

#Contig	Legth	Coverage	%	Genome	Kingdom	Phylum	Class	Order	Family	genus
NODE_167	19046	824,0	97,3	Mitogenome	Metazoa	Porifera	Demospongiae	Haplosclerida	Petrosiidae	<i>Xestospongia</i>
NODE_38384	1141	59,9	100,0	Mitogenome	Metazoa	Arthropoda	Insecta	Neuroptera	Ithonidae	<i>Fontecilla</i>
NODE_10365	2843	54,0	90,0	Mitogenome	No_rank	Chordata	Mammalia	Lagomorpha	Ochotonidae	<i>Ochotona</i>
NODE_20976	1766	53,3	87,3	Mitogenome	No_rank	Evosea	Eumycetozoa	Dictyosteliales	Dictyosteliaceae	<i>Dictyostelium</i>
NODE_28422	1420	45,8	94,6	Mitogenome	Metazoa	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Chrysomelidae	<i>Chrysomela</i>
NODE_19041	1891	44,5	95,0	Mitogenome	Metazoa	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Sphingidae	<i>Ambulyx</i>
NODE_27511	1456	29,1	100,0	Mitogenome	Metazoa	Arthropoda	Insecta	Lepidoptera	Coleophoridae	<i>Coleophora</i>
NODE_16234	2117	28,1	100,0	Mitogenome	Metazoa	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Lampyridae	<i>Lucidina</i>
NODE_5568	4097	22,3	97,1	Mitogenome	Metazoa	Arthropoda	Insecta	Coleoptera	Ptinidae	<i>Anobiinae</i>
NODE_1972	7043	21,6	92,3	Mitogenome	Fungi	Ascomycota	Sordariomycetes	Magnaporthales	Pyriculariaceae	<i>Pyricularia</i>

Tabla S2. Valores obtenidos para la curva estándar de antibióticos.

Well	Staphylococcus aureus ATCC 43300 vancomycin hydrochloride			Staphylococcus aureus ATCC 25913 Ampicillin sodium		
	C (µg /m L) Antibiotic	Absorbance (mean) 490nm	Absorbance (mean) 608nm	C (µg /m L) Antibiotic	Absorbance (mean) 490nm	Absorbance (mean) 608nm
1	50,0	0,084	0,061	8000	0,145	0,130
2	25,0	0,086	0,060	4000*	0,213	0,214
3	12.5*	0,098	0,067	2000	0,592	0,760
4	6,25	0,572	0,689	1000	0,857	1,150
5	3,125	1,916	2,681	500	1,130	1,514
6	1,563	1,829	2,495	250	0,977	1,262
7	0,781	2,078	1,829	125	1,095	1,415
8	0,391	1,450	1,902	62,50	1,212	1,529
9	0,195	1,944	1,377	31,25	1,606	2,202
10	Growth control	1,948	1,539	Growth control	1,625	2,195
11	Solvent control	1,639	2,184	Solvent control	1,998	2,838
12	CHM control	0,115	0,070	CHM control	0,148	0,104

*Concentración inhibidora mínima para cada tratamiento.