



DIVERSITY OF CULTURABLE BACTERIAL MICROBIOTA OF THE *Eisenia foetida* DIGESTIVE TRACT

DIVERSIDAD DE LA MICROBIOTA BACTERIANA CULTIVABLE DEL TRACTO DIGESTIVO DE *Eisenia foetida*

J. Abraham Pérez-Pérez¹, David Espinosa-Victoria^{1*},
Hilda V. Silva-Rojas¹ and Lucía López-Reyes²

¹Postgrado en Edafología, Colegio de Posgraduados. km 36.5 Carretera México-Texcoco. 56230, Montecillo, Texcoco, Estado de México, México.

²Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. 4 Sur #104. 72000 Col. Centro, Puebla de Zaragoza, Puebla, México.

*Corresponding author (despinos@colpos.mx)

SUMMARY

Bacteria are an unavoidable component of the natural earthworm diet; thus, bacterial diversity in the earthworm gut is directly linked to decomposition of organic matter and development of the surrounding plants. The aim of this research was to isolate and to identify biochemically and molecularly the culturable bacterial microbiota of the digestive tract of *Eisenia foetida*. Earthworms were sourced from Instituto de Reconversión Productiva y Bioenergética (IRBIO) and Colegio de Postgraduados (COLPOS), México. Bacterial isolation was carried out on plates of Brain Heart Infusion (BHI) culture medium. Fifty six and 44 bacterial isolates were obtained from IRBIO and COLPOS, respectively. The population was composed of 44 Gram-negative and 56 Gram-positive isolates. Over 50 % of the bacterial isolates were rod-shaped cells. The 16S rRNA gene was sequenced and nine genera were identified in worms from IRBIO (*Bacillus*, *Paenibacillus*, *Solibacillus*, *Staphylococcus*, *Arthrobacter*, *Pantoea*, *Stenotrophomonas*, *Acinetobacter* and *Aeromonas*) and six in worms from COLPOS (*Bacillus*, *Paenibacillus*, *Stenotrophomonas*, *Staphylococcus*, *Acinetobacter* and *Aeromonas*). *Bacillus* was the predominant genus, with eight and six species in the oligochaetes from IRBIO and COLPOS, respectively. The most represented bacteria in the worms from both sites were *Bacillus* sp. and *B. subtilis*. The predominance of *Bacillus* was probably due to spore formation, a reproductive strategy that ensures survival and dispersion in the soil and oligochaetes digestive tract. The gut of *E. foetida* not only harbored bacterial species of agronomic importance but also species potentially pathogenic for humans (*Staphylococcus warneri*, *Pantoea agglomerans* and *Stenotrophomonas* sp.). The larger bacterial diversity in worms from IRBIO could be due to their feeding on cattle manure, which is a rich source of bacteria.

Index words: *Eisenia foetida*, *Bacillus*, bacterial diversity, gut, 16S rRNA gene.

RESUMEN

Las bacterias son parte inevitable de la dieta natural de las lombrices de tierra; de esta manera, la diversidad bacteriana en el intestino de la lombriz de tierra está directamente relacionada con la descomposición de la materia orgánica y con el desarrollo de las plantas circundantes. El objetivo de esta investigación fue aislar e identificar bioquímicamente y molecularmente la microbiota bacteriana cultivable del tracto digestivo de *Eisenia foetida*. Las lombrices de tierra provinieron del Instituto de Reconversión Productiva y Bioenergética (IRBIO) y del Colegio de Postgraduados (COLPOS), México. El aislamiento bacteriano se realizó en placas de medio de cultivo Agar Infusión Cerebro Corazón (AICC). Se obtuvieron 56 y 44 aislamientos bacterianos de IRBIO y COLPOS, respectivamente. La población estuvo compuesta por 44 aislamientos Gram-negativos y 56 Gram-positivos. Más del 50 % de los aislamientos bacterianos presentaron células en forma de bacilo. Se secuenció el gen 16S rRNA y se identificaron nueve géneros en los vermes de IRBIO (*Bacillus*, *Paenibacillus*, *Solibacillus*, *Staphylococcus*, *Arthrobacter*, *Pantoea*, *Stenotrophomonas*, *Acinetobacter* y *Aeromonas*) y seis en los de COLPOS (*Bacillus*, *Paenibacillus*, *Stenotrophomonas*, *Staphylococcus*, *Acinetobacter* y *Aeromonas*). El género predominante fue *Bacillus*, con ocho y seis especies en los oligoquetos de IRBIO y del COLPOS, respectivamente. *Bacillus* sp. y *B. subtilis* fueron las bacterias mayormente representadas en los vermes de ambos sitios. La predominancia de *Bacillus* está relacionada probablemente con la formación de esporas, estrategia de reproducción que asegura su supervivencia y dispersión en el suelo y en el tracto digestivo de los oligoquetos. El intestino de *E. foetida* no sólo albergó especies bacterianas de importancia agronómica, sino también especies potencialmente patógenas para humanos (*Staphylococcus warneri*, *Pantoea agglomerans* y *Stenotrophomonas* sp.). La mayor diversidad bacteriana en los vermes de IRBIO pudo deberse a la alimentación con estiércol de bovino, que es una fuente rica en bacterias.

Palabras clave: *Eisenia foetida*, *Bacillus*, diversidad bacteriana, intestino, gen 16S rRNA.