



**Somos calidad,
somos USC**

Composición y estructura de comunidades microbianas asociadas a aguas contaminadas con hidrocarburos mediante un enfoque metagenómico

Autores:

**Yabneel Soto Rosales
Sarah Melissa Villanueva Villazón**

**Título por el que opta:
Microbiólogo (a)**

Director

Juan Diego Duque Zapata

**Grupo de investigación:
Microbiología, Industria y Ambiente GIMIA**

**Línea de investigación:
Microbiología Ambiental**

**Facultad de Ciencias básicas
Microbiología
Universidad Santiago de Cali
Santiago de Cali - Colombia
2025**

IMPACTOS

Relacione el (los) impacto(s) que presentó el Trabajo de Grado

IMPACTO	PRODUCTO	BENEFICIARIO(S)
Económico		
Responsabilidad social		
Científico		
Indicadores de Gestión		
Tecnológico		
Técnico		
Ambiental		
Social		
Cultural		

*Incluir los productos obtenidos derivados de la investigación como: apropiación social del conocimiento, generación de nuevo conocimiento entre otros.

COMPOSICIÓN Y ESTRUCTURA DE COMUNIDADES MICROBIANAS ASOCIADAS A AGUAS CONTAMINADAS CON HIDROCARBUROS MEDIANTE UN ENFOQUE METAGENÓMICO

Yabneel Soto Rosales¹, Sarah Melissa Villanueva Villazón ², Juan Diego Duque³

¹ Grupo de investigación en Microbiología, Industria y Medio Ambiente (GIMIA), Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Santiago de Cali, Campus Pampalinda Calle 5 # 62-00. Santiago de Cali. Colombia.

RESUMEN

La contaminación de ecosistemas acuáticos por hidrocarburos es un problema ambiental significativo que afecta la biodiversidad y salud humana. El objetivo de este estudio fue determinar la composición y estructura de comunidades microbianas asociadas a aguas contaminadas con hidrocarburos mediante un enfoque metagenómico. Se analizaron 331 archivos de 6 países del repositorio MGnify del gen 16S rRNA; se utilizó SILVA y Kraken2 para la clasificación taxonómica y RStudio para los análisis de diversidad. Se identificaron 77 phylum, 551 familias y 1387 géneros bacterianos, con predominio de *Proteobacteria* y *Desulfobacterota*, taxones claves para la degradación del contaminante. Familias predominantes como *Colwelliaceae* demostraron un potencial biorremediador mediado por genes funcionales implicados en el proceso de degradación de hidrocarburos. Asimismo, se detectaron microorganismos no cultivables y bacterias con potencial patógeno. La metagenómica demostró su importancia en la comprensión de dinámicas ecológicas microbianas y su aplicación en estrategias con enfoque remediador.

Palabras clave: Metagenómica; hidrocarburos; diversidad microbiana; biorremediación; aguas contaminadas.

COMPOSITION AND STRUCTURE OF MICROBIAL COMMUNITIES ASSOCIATED WITH HYDROCARBON-CONTAMINATED WATERS USING A METAGENOMIC APPROACH

ABSTRACT

The contamination of aquatic ecosystems by hydrocarbons is a significant environmental problem that affects biodiversity and human health. The objective of this study was to determine the composition and structure of microbial communities associated with hydrocarbon-contaminated waters using a metagenomic approach. A total of 331 files from six countries in the MGnify repository of the 16S rRNA gene were analyzed; SILVA and Kraken2 were used for taxonomic classification and RStudio for diversity analysis. A total of 77 phyla, 551 families, and 1,387 bacterial genera were identified, with a predominance of *Proteobacteria* and *Desulfobacterota*, key taxa for pollutant degradation. Predominant families such as *Colwelliaceae* demonstrated bioremediation potential mediated by functional genes involved in the hydrocarbon degradation process. Likewise, uncultivable microorganisms and bacteria with pathogenic potential were detected. Metagenomics demonstrated its importance in understanding microbial ecological dynamics and its application in remediation strategies.

Keywords: Metagenomics; hydrocarbons; microbial diversity; bioremediation; contaminated water.

1. INTRODUCCIÓN

El petróleo crudo es un recurso esencial para la industria global, pero también constituye una fuente importante de contaminación en los ecosistemas terrestres, atmosféricos y oceánicos. Factores como el aumento de la población, los estilos de vida modernos y otras influencias han provocado una mayor exposición a los hidrocarburos de petróleo en nuestra vida diaria [1]. El sector hidrocarburos genera un volumen superior a los 250 millones de barriles de agua al día a nivel mundial, con efectos nocivos para los ecosistemas y el ser humano [2]. A medida que los campos de producción envejecen, la cantidad de agua recuperada en superficie aumenta debido a la reinyección de fluidos como mecanismo para mantener la presión del yacimiento y la producción del petróleo [3].

La contaminación de aguas por hidrocarburos es uno de los principales problemas ambientales actuales que afecta tanto a los ecosistemas marinos, como la biodiversidad asociada y sus productos. Según el Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico [4], los impactos se pueden clasificar en efectos letales –que provocan la muerte directa de los organismos por simple contacto con el crudo afectando su funcionalidad-, subletales –que causan alteraciones genéticas, fisiológicas y reproductivas-; e indirectos –que modifican hábitats, redes tróficas y relaciones ecológicas-. [5,6,7] Estos impactos reflejan la complejidad de los daños ambientales y justifican la búsqueda de estrategias sostenibles para la recuperación de los ecosistemas acuáticos y la mitigación de los hidrocarburos.

A lo largo de los años, se han implementado técnicas de limpieza y recuperación de aguas basadas en métodos físicos y químicos, que entre las técnicas más utilizadas se encuentran las barreras flotantes, absorbentes inorgánicos, dispersantes químicos, quema *in situ* o rompedores de emulsiones [8]. Sin embargo, su efectividad es limitada y temporal, ya que no eliminan completamente los contaminantes, sino que los trasladan o transforman en subproductos tóxicos, generando una gravedad similar, y son un riesgo debido a sus efectos tóxicos en el ecosistema. Su alto costo, baja sostenibilidad y limitada eficiencia frente a contaminaciones extensas ponen en evidencia la necesidad de soluciones más efectivas y sostenibles para el medio ambiente, como la biorremediación [9].

La biorremediación se presenta como una estrategia prometedora, basada en el uso de microorganismos para eliminar, reducir o transformar contaminantes en compuestos de menor toxicidad utilizando los contaminantes como sustratos. Se puede realizar tanto *in situ* como *ex situ*, e incluyen una serie de técnicas biorremediadoras como la **bioestimulación**, que es la adición de nutrientes o aceptores de electrones con el fin de potenciar los consorcios bacterianos nativos; la **bioaumentación**, que consiste en la incorporación de microorganismos o consorcios específicos para acelerar el proceso de la degradación y la **biodegradación**, que transforma compuesto de hidrocarburo en compuestos más simples y menos tóxicos. Se ha implementado el uso de consorcios diseñados que son integrados por diferentes especies con diferentes funciones para descomponer distintas partes de los hidrocarburos de manera complementaria. Entre las especies con mayor potencial degradador destacan *Acinetobacter sp*, *Bacillus sp*, *Pseudomonas sp*, *Rhodococcus sp*, y *Serratia sp* las cuales, producen biosurfactantes que incrementan la solubilidad y biodisponibilidad de los hidrocarburos, potenciando su captación y posteriormente, la degradación [10,11]. Esta función de producción de compuestos naturales son las que permiten que las bacterias utilicen el crudo como fuente de nutrientes, que, a diferencia de los surfactantes sintéticos, no resultan tóxicos para el ambiente.

Los avances en las tecnologías ómicas han permitido a la ecología microbiana generar una gran cantidad de secuencias genéticas y desarrollar herramientas bioinformáticas de alta calidad, con el fin de procesar y analizar grandes volúmenes de datos. Herramientas como la genómica, transcriptómica, proteómica y metabolómica facilitan en gran medida la caracterización taxonómica y funcional de comunidades microbianas complejas como aquellos microorganismos no cultivables que dificultan el estudio de las comunidades microbianas acuáticas, especialmente en entornos contaminados por hidrocarburos. La metagenómica, al analizar secuencias de ADN de microorganismos no cultivados, permite la identificación de genes implicados en la degradación de hidrocarburos [12]. Además, el análisis del gen 16s rRNA ofrece acceso a la fracción microbiana no cultivable, permitiendo conocer linajes previamente desconocidos y ampliando el conocimiento de las interacciones y rutas metabólicas [13]. Gracias a estas herramientas, se pueden identificar microorganismos presentes y también, las rutas metabólicas implicadas en el proceso de la degradación de compuestos orgánicos. Es decir que, los datos generados facilitan la selección de microorganismos o consorcios con mayor capacidad degradadora,

optimizando recursos, reduciendo costos y aumentando la sostenibilidad de las estrategias de limpieza. En este sentido, estudios han evidenciado prevalencia de géneros como *Pseudomonas*, *Alcanivorax*, *Desulfobacteria* y *Bacillus* en ambientes contaminados, destacando por su papel biodegradador de hidrocarburos aromáticos y alifáticos [14].

Regis Antonioli investigó las respuestas funcionales de comunidades microbianas en sedimentos marinos contaminados, lo cual permitió identificar la prevalencia de *Desulfobacteria* y el enriquecimiento de enzimas asociadas a la degradación del tolueno, demostrando la importancia y eficacia de la integración de distintas ómicas [15]. De manera similar, en Líbano se realizó un estudio donde se puso en evidencia la transformación de la comunidad microbiana de los sedimentos tras un derrame de petróleo, con aparición de géneros como *Woeseia*, *Bacillus* y *Vibrio*, demostrando la adaptación y respuesta funcional de los microorganismos con potencial degradador [16]. En Ecuador, gracias a la secuenciación del gen 16s rRNA, se identificaron consorcios bacterianos resistentes a metales, predominando *Pseudomonas* y *Staphylococcus*, con un alto potencial de remoción de contaminantes, confirmando el valor del uso de estas tecnologías para identificar, caracterizar y seleccionar cepas con fines biorremediadores [17].

El uso de tecnologías de secuenciación de alto rendimiento, junto con bases de datos bioinformáticas como NCBI, ENA y MGnify permiten recopilar, comparar y visualizar secuencias microbianas. Esto ha marcado un cambio importante en la microbiología ambiental, puesto que aparte de tener descripciones generales de las comunidades se puede realizar análisis más complejos para lograr un mayor conocimiento respecto a sus funciones, interacciones y las rutas metabólicas implicadas en la degradación de los hidrocarburos.

Con ello se demostró que, aunque los avances en la bioinformática y ciencias ómicas han evolucionado notoriamente el conocimiento acerca de las comunidades microbianas en ambientes contaminados aún existe una brecha a nivel global en la comprensión de manera integral de la composición, abundancia y funciones ecológicas en la degradación de hidrocarburos. Es por esto que, el objetivo de este estudio fue determinar la composición de la microbiota asociada a la contaminación por hidrocarburos mediante herramientas bioinformáticas y bases de datos, aportando así información científica que contribuye a mejorar las bases para el diseño de estrategias biorremediadoras aún más efectivas.

2. MATERIALES Y METODOS

El presente estudio se desarrolló bajo un enfoque metagenómico de amplicones, empleando datos públicos disponibles en la base de datos MGnify del European Bioinformatics Institute [18]. El flujo de trabajo contempló tres etapas principales: búsqueda y selección de datos, análisis bioinformático (por ejemplo, control de calidad, identificación taxonómica) y análisis estadístico, cuya secuencia metodológica se sintetiza en el flujo general de procesamiento mostrado en la Figura 1.

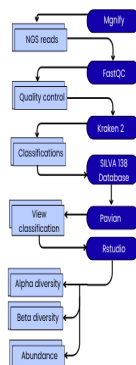


Figura 1. Flujo general de procesamiento y análisis metagenómico empleado

2.1. Selección set datos

Se realizó la búsqueda y descarga de datasets metagenómicos depositados en MGnify [18] correspondientes a aguas contaminadas con hidrocarburos en diferentes regiones del mundo, donde se emplearon las palabras clave “*Oil spill*”, “*Oil water*” y “*Oil contaminated*” como criterios de búsqueda, como criterio de inclusión, se seleccionaron únicamente aquellos proyectos que especificaran el análisis del gen marcador 16S rRNA y cuyos archivos presentaran una calidad de lectura con Phred score mayor a 20, garantizando así una adecuada confiabilidad en el procesamiento y análisis de las secuencias. En total, se analizaron 291 archivos FASTQ crudos (raw data) provenientes de siete países (Tabla 1).

Tabla 1. Datasets metagenómicos seleccionados de MGnify asociados a aguas contaminadas con hidrocarburos.

Palabras clave	ENA acceso	Estudio	Número de muestras	País
Oil contaminated	MGYS00001416	PRJEB7646	34	Finlandia
	MGYS00001471	PRJEB7900	11	Italia
	MGYS00001426	PRJEB18772	134	Rusia
Oil spill	MGYS00001538	PRJEB14899	32	Noruega
	MGYS00001620	PRJEB10119	5	Italia
Oil water	MGYS00001475	PRJEB5200	9	Noruega
	MGYS00001538	PRJEB14899	32	Perú
	MGYS00002820	PRJDB4762	34	China
Total			291	7

2.2. Análisis Bioinformático

Una vez descargados los archivos crudos (FASTQC), se realizó un análisis de control de calidad utilizando FastQC [19], con el propósito de identificar posibles problemas relacionados con la calidad de las bases, la presencia de adaptadores o los niveles de duplicación en las lecturas.

Las secuencias se sometieron a clasificación taxonómica mediante Kraken2 [20], empleando la base de datos SILVA 138 [21] enfocada en genes ARNr 16S.

Los resultados obtenidos de la clasificación con Kraken2 se transformaron en un archivo BIOM mediante scripts personalizados, con el fin de preparar los datos para el análisis ecológico posterior, finalmente las clasificaciones taxonómicas y los datos de abundancia fueron visualizados en la plataforma Pavian [22] lo que permitió corroborar el número total de lecturas clasificadas.

2.3 Análisis estadístico

Los análisis estadísticos de ecología microbiana se realizaron en el programa RStudio [23] empleando los paquetes microbiome, ggplot2 phyloseq [24]

Se calcularon los índices de diversidad alfa, incluyendo el índice de Shannon, la dominancia de Berger-Parker, la equidad de Pielou y la rareza; la diversidad beta fue evaluada mediante las distancias Bray–Curtis, representadas gráficamente a través de un análisis de coordenadas principales (PCoA). Adicionalmente, se generaron gráficas para representar la composición y variabilidad de las comunidades microbianas en diferentes niveles taxonómicos. La interpretación de los resultados se apoyó en la consulta de literatura científica con el fin de identificar posibles asociaciones funcionales entre los taxones identificados.

3. RESULTADOS

El control de calidad realizado con FastQC demostró resultados satisfactorios para las secuencias analizadas (Figura 2A).

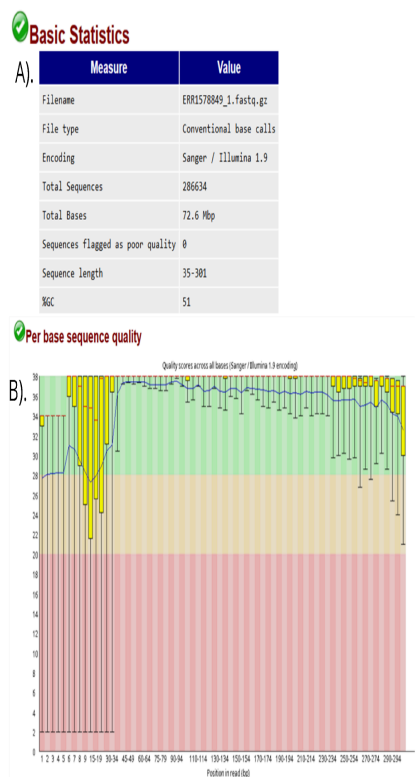


Figura 2. A). Resultados generales del control de calidad en FastQC
B). Gráfico de calidad por posición de base en valores Phred

En la tabla se describe de manera general la información de los archivos dispuestos a ser utilizados después del filtro realizado. Se evidenció el nombre de la muestra, la cantidad de secuencias, la longitud de pares de bases y el contenido de %GC.

Después del control de calidad se garantiza una fidelidad adecuada respecto a la lectura de bases. El gráfico de calidad por posición (Figura 2B) evidenció que los valores utilizados como límite de Phred fueron mayor a 30 y se mantuvieron de manera predominante a lo largo de las lecturas, incluyendo las leves pero marcadas diferencias hacia los extremos y el final, siendo un comportamiento habitual en el proceso de secuenciaciones con Illumina.

Esto permite demostrar que las secuencias escogidas presentan una alta calidad para los análisis taxonómicos.

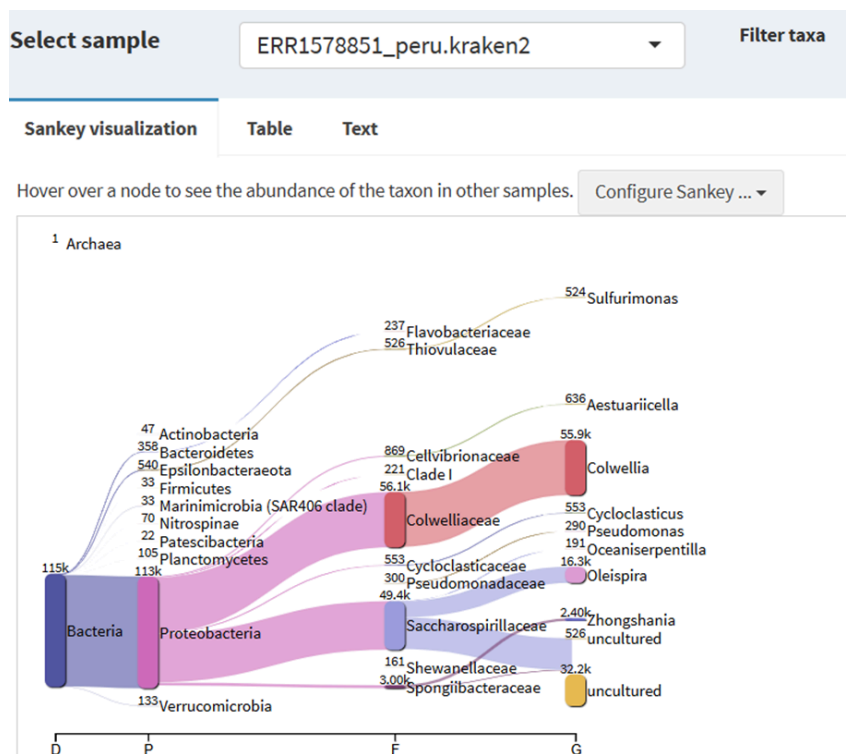


Figura 3. Diagrama de Sankey generado en Pavian a partir de los resultados de clasificación taxonómica obtenidos con Kraken2.

El diagrama de Sankey se obtuvo después de la clasificación taxonómica de las secuencias analizadas (Figura 3). Esta visualización permitió identificar la jerarquía desde el dominio hasta el género de cada muestra analizada, representada mediante conexiones entre los distintos niveles de la jerarquía. Las líneas de unión reflejaron la relación que existe entre taxones y la proporción relativa de todas las secuencias que fueron clasificadas en grupos, mientras que, los números junto a los nombres indicaron la cantidad de muestras identificadas en cada categoría, mientras que el grosor de las líneas representó de manera proporcional las secuencias asociadas a cada grupo. En este caso, la muestra de Perú evidenció el predominio del dominio *Bacteria*, con el filo más abundante que es *Proteobacteria* concentrando más de la mitad de las lecturas. Se observó también la presencia de varias familias géneros que han sido asociados a la degradación de hidrocarburos.

Se obtuvo en total 15.567.608 lecturas crudas (raw data), que posterior a al control de calidad y normalización se obtuvieron 10.388.178 lecturas crudas. Del total de lecturas normalizadas, se evidenció que el 40% fueron asignadas a Perú, 32% a Rusia, 12% China, 8% Noruega, 6% Italia y por último, 2% Finlandia. En total se identificaron 77 phylum 551 familias y 1387 géneros.

3.1 Abundancia relativa a nivel de phylum

De los 10 phylum más abundantes (Figura 4), *Proteobacteria*, *Desulfobacterota*, *Bacteroidota* y *Bacteroidetes* corresponden al 83% de la abundancia total.

Se demostró la abundancia relativa de los principales phylum bacterianos de las muestras analizadas provenientes de seis países: China, Finlandia, Italia, Noruega, Perú y Rusia. Se evidenciaron diferencias notables en la composición microbiana entre las muestras analizadas.

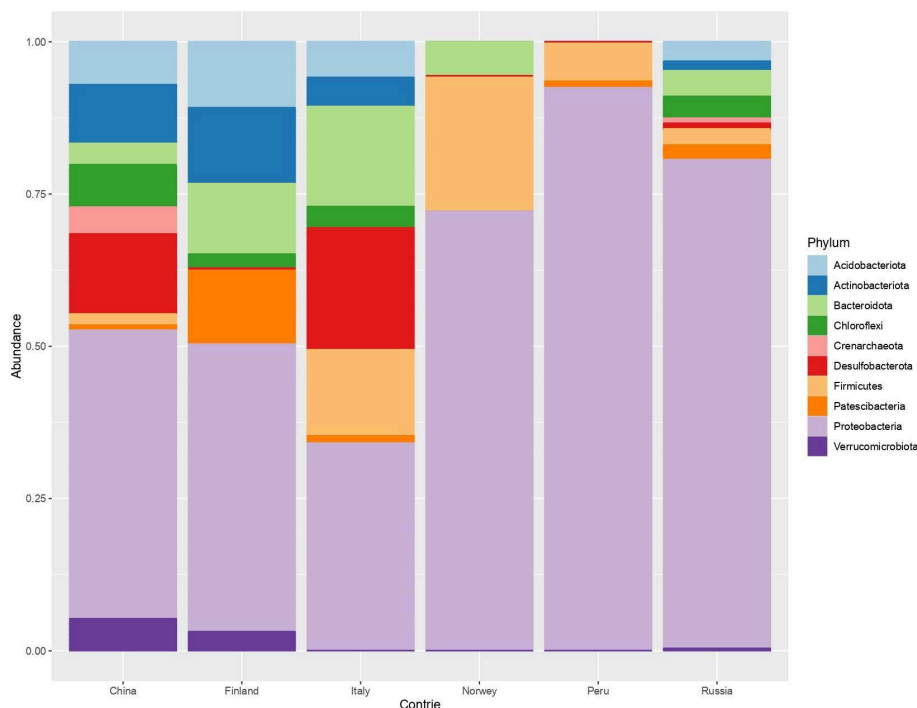


Figura 4. Abundancia relativa a nivel de phylum

El phylum *Proteobacteria* fue el más dominante en 5 de los 6 países donde se tomaron las muestras con un valor de abundancia relativa general de 72%, mientras que, en Italia, el phylum predominante fue *Desulfobacterota* representando casi el 60% del phylum. Para *Proteobacteria* las muestras de Perú y Rusia son el 81% de la abundancia general. En contraste, China, Finlandia e Italia tuvieron una proporción menor cercana al 10%.

Desulfobacterota mostró una presencia considerable siendo el 4% de las muestras totales. En China e Italia obtuvo un 96% de abundancia en total, a diferencia de Rusia que fue del 4%.

Los phylum *Bacteroidota* y *Bacteroidetes* obtuvieron una abundancia general similar, ambas con 3% demostraron una variabilidad moderada, donde China y Rusia compartieron el 73% de la abundancia de *Bacteroidota*; mientras que en Perú se obtuvo un 99,9% de abundancia para *Bacteroidetes*.

3.2 Composición taxonómica de las comunidades microbianas a nivel de familia

De las 551 familias encontradas en las muestras analizadas (Figura 5) se encontró que las familias *Colwelliaceae*, *Saccharospirillaceae*, *Vibrionaceae*, *Enterobacteriaceae*, *Flavobacteriaceae*, *Porticoccaceae*, *Rhodobacteraceae*, *Cycloclasticaceae*, *Shewanellaceae*, *Yersiniaceae* representaron el 55% de las muestras.

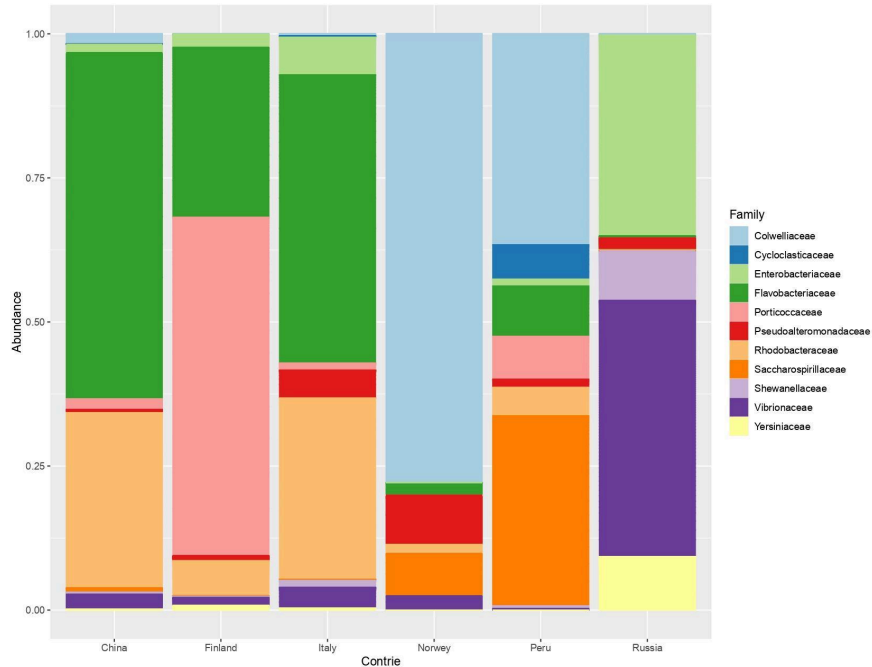


Figura 5. Abundancia relativa a nivel de familia

En general, *Colwelliaceae* y *Saccharospirillaceae* representaron el 17% y 11% de la abundancia, respectivamente. Las muestras de Perú representan una alta proporción de las abundancias relativas totales, siendo casi del 66% para *Colwelliaceae* y 95% para *Saccharospirillaecae*. Se evidenció también que, a pesar de ser las familias con mayor abundancia, tan solo *Colwelliaceae* es predominante en Noruega y Perú; en contraste, *Vibrionaceae* presentó una mayor abundancia en Rusia con 8%. A diferencia del resto de familias, que sus abundancias relativas individuales son menores al 10%.

3.3 Composición taxonómica de las comunidades microbianas a nivel de género

Se obtuvo una alta variabilidad de géneros bacterianos, de los cuales se lograron identificar aproximadamente 1.400 géneros bacterianos (Figura 6). La mayoría de géneros bacterianos representan individualmente menos del 1% de abundancia relativa, y son tan solo 16 géneros bacterianos los cuales superaron este porcentaje.

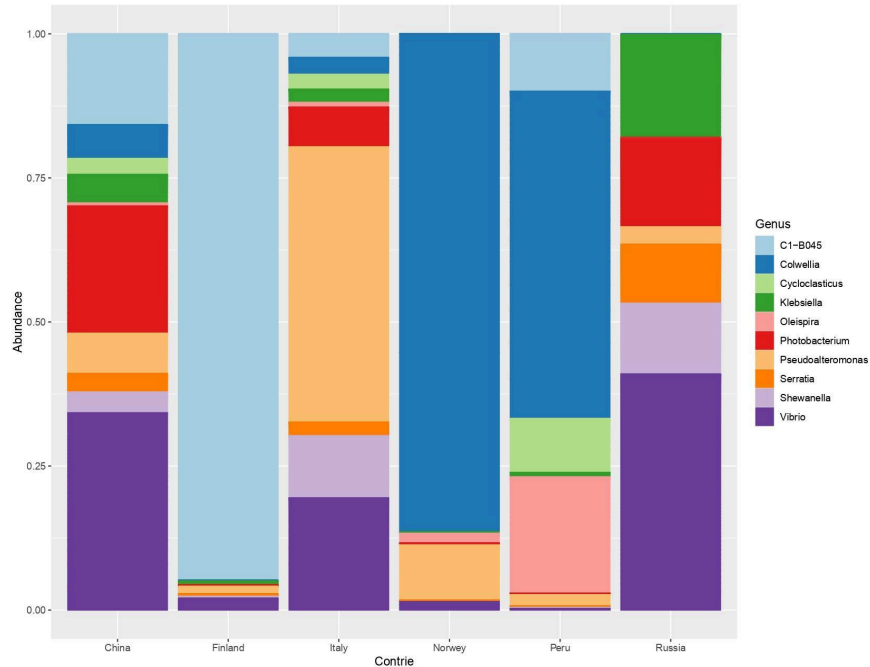


Figura 6. Abundancia relativa a nivel de género

Más del 50% de la abundancia relativa total a nivel de género fue representada por 10 géneros: *Colwellia*, *Vibrio*, *Oleispira*, *Klebsiella*, *Photobacterium*, *C1-B045*, *Cycloclasticus*, *Shewanella*, *Pseudoalteromonas* y *Serratia*. *Colwellia* fue el género predominante en los 6 países con un 22% de abundancia relativa. En similitud con la Figura 3, Noruega y Perú fueron los países con mayor abundancia, representando el 99,8%, mientras que, Rusia representó el porcentaje restante.

Vibrio por su parte, demostró una proporción menor con un 7%, del cual, Rusia fue el país con mayor dominancia de esta familia con un 97%; en contraste, en Finlandia no se encontró esta familia en las muestras analizadas.

En Italia predominó otro género, *Desulfotignum* con 99,9% de abundancia y *Woeseia* en China representó el 83% de la proporción de abundancia. El género identificado como *C1-B045* tuvo mayor representación en países como Finlandia y Perú, el cual pertenece a un género de bacteria no cultivable.

3.4 Diversidad alfa de comunidades microbianas

Se logran observar los valores de los índices de diversidad alfa calculados para las comunidades bacterianas de cada país, categorizado en riqueza observada, rareza, índice de Shannon e índice de Berger-Parker. Figura 7.

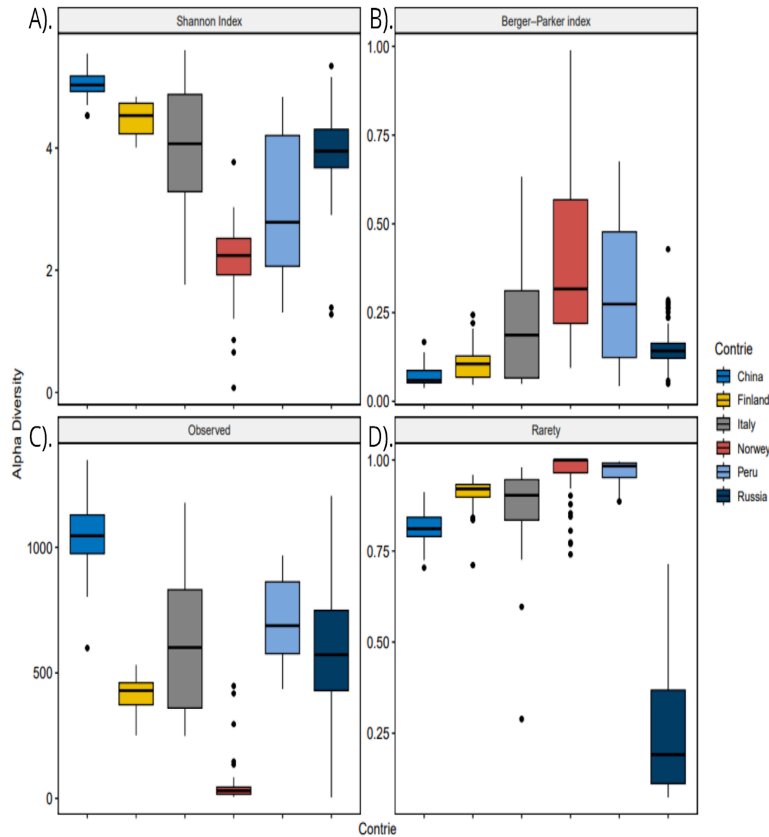


Figura 7. Diversidad alfa en muestras. A). Índice de Shannon. B). Índice de Berger-Perker. C) Riqueza observada. D). Rareza.

El índice de Shannon (Figura 7A), el cual evalúa la diversidad considerando la riqueza y la equitatividad de los taxones, mostró los valores más altos en China y Finlandia, lo que indica una alta y equilibrada diversidad junto a una comunidad bacteriana muy similar. En contraste, Noruega presentó los valores de diversidad más bajos a pesar de la cantidad de muestras analizadas. Y por último, Perú e Italia presentaron variabilidad media con muestras que oscilaron entre los niveles más bajos y altos de diversidad, demostrando una heterogeneidad marcada interna.

El índice de Berger-Parker, que refleja los taxones más dominantes y el grado de este (Figura 7B), demostró, en correspondencia con el índice de Shannon, que Noruega presentó los valores más altos, evidenciando dominancia de taxones y poca diversidad bacteriana. China y Finlandia demostraron una representación sin taxones dominantes marcados. Nuevamente Perú e Italia, demostraron una heterogeneidad interna, significando algunas muestras con comunidades equilibradas y otras dominadas por pocos taxones. Rusia, por su parte demostró comunidades relativamente diversas y dominancias similares.

La riqueza permite medir la cantidad de taxones totales que fueron detectados (Figura 7C), China presentó los valores más altos indicando alta cantidad de taxones y poca variabilidad entre las muestras. Italia y Perú han destacado por su variabilidad entre muestras y mostraron niveles intermedios con una alta dispersión, Italia presentó una composición consistente sin valores bajos tan extremos. La riqueza de Rusia se evidenció de manera moderada y con una alta variabilidad. Por último, Finlandia y Noruega presentaron unos de los valores más bajos, Finlandia con muestras similares y Noruega con una diversidad taxonómica muy limitada en comparación con los demás países a pesar de tener una cantidad considerable de muestras atípicas.

Por último, la rareza evidenció diferencias marcadas entre países (Figura 7D). Noruega presentó los valores más altos, considerando una alta presencia de taxones poco comunes en sus comunidades. De manera similar, Italia y Perú demostraron valores altos, pero Italia fue el que presentó más dispersión entre muestras. Por su parte China y Finlandia demostraron valores menores o intermedios representando una rareza moderada en

comparación con los otros países. Y Rusia fue el país que presentó valores más bajos, sugiriendo dominancia por taxones comunes y poca presencia de taxones raros.

3.5 Diversidad beta y estructura de la comunidad

En la Figura 8 se representó el análisis de coordenadas principales, donde se evidenció una distribución espacial de las comunidades microbianas de los seis países en función de sus diferencias composicionales.

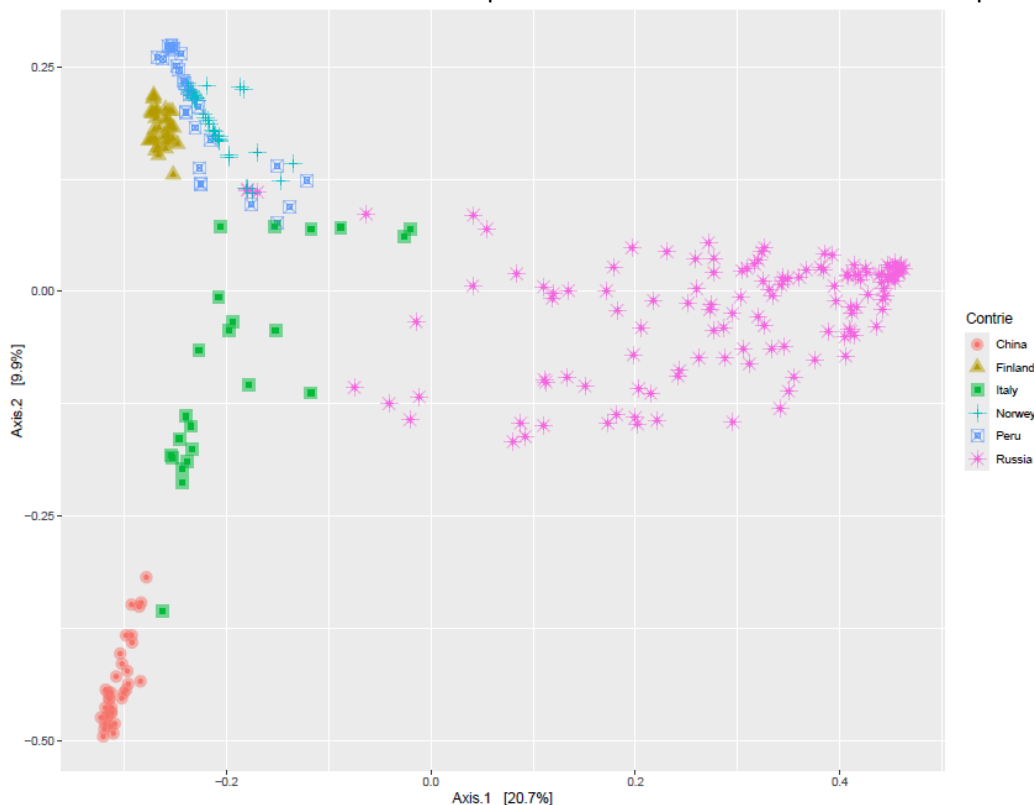


Figura 8. Taxones con mayor representación

Los dos ejes explicaron el 20.7% y el 9.9% de la variación total, respectivamente.

Las muestras provenientes de Finlandia se agruparon en un extremo, mostrando una composición microbiana similar entre las muestras. Países como Perú y Noruega tuvieron una composición similar debido a la cercanía y sobreposición entre las muestras de los 3 países; sin embargo, muestras de Noruega tuvieron una mayor dispersión sin distanciarse tanto.

Italia y Rusia, por su parte, fueron los países con mayor dispersión sugiriendo gran variabilidad interna de las muestras. Las muestras de Rusia en comparación con los demás países fueron muy altas, por lo cual puede sugerir una sobreestimación de los análisis realizados en este país.

Y por último, China, que se posicionó en el inferior izquierdo, demostró una similitud entre sus propias muestras e incluso, una muestra analizada de Italia tuvo una composición muy diferente al resto de su país, pero alta afinidad a las muestras de China. A pesar de esto, China demostró una variabilidad relativamente baja en comparación con Rusia y Noruega.

Dentro de la distribución, el patrón general evidenció divisiones entre comunidades microbianas de los diferentes países, reflejando una amplia variación en cuanto a composición taxonómica y su estructura relativa de las poblaciones bacterianas.

4. DISCUSIÓN (O ANÁLISIS DE RESULTADOS)

El análisis metagenómico de las comunidades bacterianas presentes en aguas contaminadas por hidrocarburos permitió identificar una amplia diversidad microbiana distribuida en distintos niveles taxonómicos, al igual que en otros estudios metagenómicos este enfoque facilitó la detección de microorganismos no cultivables, grupos con potencial degradador de hidrocarburos y varias familias predominantes con potencial patógeno.

Los datos de secuenciación a nivel de phylum (Figura 4) revelaron que las comunidades microbianas estaban compuestas predominantemente por *Proteobacteria*, en diversos estudios se han reportado como dominante en ambientes contaminados con hidrocarburos, atribuyendo esta prevalencia a su alta versatilidad metabólica, rápida capacidad de respuesta a cambios ambientales y amplio repertorio de genes catabólicos que les permiten degradar diferentes fracciones de hidrocarburos [25,26,27]. El segundo phylum más abundante fue *Desulfobacterota*, este es conocido por su adaptabilidad a diversos niveles de oxígeno y su capacidad para degradar hidrocarburos alifáticos y aromáticos, esto concuerda con un estudio realizado en sedimentos mediterráneos y Caspio donde se evidenció que *Desulfobacterota* fue uno de los principales contribuyentes a la degradación de hidrocarburos, portando genes implicados en la oxidación de compuestos alifáticos y aromáticos bajo condiciones variables de oxigenación [28]. La elevada abundancia de *Desulfobacterota* en las muestras de China e Italia se podría explicar por la presencia de zonas microóxicas y anóxicas en los sedimentos costeros de ambas regiones [29,30] condiciones que favorecen el crecimiento de bacterias sulfatorreductoras.

Las dos familias predominantes en las muestras analizadas mostraron su mayor, el cual concentró aproximadamente el 30% de las muestras globales, junto con Rusia y Noruega, con un elevado número de muestras. La diferencia en la cantidad de datos entre países pudo generar una sobreestimación, de abundancias relativas, especialmente en los grupos dominantes de los países con mayor cantidad de muestras. Ambas familias fueron dominantes en Perú. De esta manera, *Colwelliaceae*, la cual es conocida por ser psicrófila; su hábitat generalmente es marino, como hielo, sedimentos y zona pelágica, es decir, zonas árticas como Noruega. Las condiciones climáticas entre Noruega y Perú son similares en áreas como en la Corriente de Humboldt en Perú, que transporta aguas frías y ricas en nutrientes a lo largo de la costa peruana beneficiando a las especies pertenecientes de esta, las cuales son conocidas por su capacidad degradadora de hidrocarburos [31]. Este hallazgo coincide con los estudios realizados del derrame de Deepwater Horizon en el Golfo de México donde se encontró que la especie *Colwellia sp.* dominó en la columna, en comparación con el orden *Oceanospirillales* que fue el predominante en la primera etapa del derrame. Se considera que la especie tenía una baja presencia en las profundidades del océano; sin embargo, al momento de entrar en contacto con el hidrocarburo, se generó un nuevo nicho con una abundante fuente de carbono, actuando como presión selectiva y las especies de *Colwellia* aumentaron su abundancia junto con el género *Cycloclasticus* y *Oceanospirillales* [32]. *Saccharospirillaceae* por su parte, mostró una presencia limitada en el resto de países, pudiéndose asociar a las condiciones ambientales mencionadas; sin embargo, el conocimiento de esta familia es escaso ya que se suele mencionar de manera general con el orden al que pertenece (*Oceanospirillales*), el cual tiene especies con potencial degradador [33]. Estudios filogenéticos mostraron su estrecha relación con *Oceanospirillum*, que tiene capacidad de degradación de hidrocarburos [34]. Esto resalta la necesidad de realizar estudios adicionales que evalúen su papel ecológico y metabólico en ambientes contaminados.

La presencia predominante de *Flavobacteriaceae* en las muestras de China, Italia y Finlandia puede atribuirse a la amplia plasticidad ecológica y metabólica de esta familia, permitiendo su adaptación a distintas condiciones ambientales, se han aislado bacterias de la familia *Flavobacteriaceae* de diversos hábitats, como agua de mar [35] y sedimentos de aguas profundas [36], este grupo de bacterias heterótrofas marinas se caracteriza por una notable capacidad para degradar polímeros complejos y productos intermedios de la biodegradación de hidrocarburos, en un estudio realizado en el Mar de China Oriental, se reportó *Flavobacteriaceae* como una de las familias dominantes en aguas costeras eutróficas, donde su abundancia se correlaciona positivamente con la temperatura, materia orgánica disuelta y la productividad reflejando su afinidad por ambientes ricos en carbono orgánico [37]. Por otro lado, la abundancia en Finlandia e Italia pueden explicarse por la existencia de cepas psicrótrofas y psicrófilas capaces de mantener actividad enzimática a bajas temperaturas y degradar materia orgánica compleja en aguas frías [38]. En conjunto, estos antecedentes demuestran que esta familia posee una amplia tolerancia térmica y una marcada dependencia del carbono orgánico disuelto. En Rusia se evidenció una predominancia de familias conocidas como oportunistas o con potencial patógeno, como *Vibrionaceae* y *Enterobacteriaceae*. Sin embargo, en la literatura no se ha evidenciado evidencia sólida que las sitúe como degradadoras primarias de hidrocarburos en aguas marinas rusas, lo que sugiere que su abundancia podría estar relacionada con factores antropogénicos que favorecen su proliferación. Por otro lado, la presencia de

Shewanellaceae resulta particularmente relevante, ya que especies de este grupo, como *Shewanella putrefaciens*, un anaerobio facultativo típico representativo, ha demostrado su capacidad para degradar por separado dibenzotiofenos en condiciones aeróbicas e hidrocarburos del petróleo en condiciones anaeróbicas [39].

La composición bacteriana en cuanto a géneros reveló una predominancia de aquellos del phylum *Proteobacteria*, entre los cuales se lograron destacar *Colwellia*, *Vibrio* y *Oleispira*, los cuales han sido ampliamente reconocidos por su papel degradador en ambientes marinos contaminados por hidrocarburos. Géneros como *Cycloclasticus*, *Shewanella*, *Marinobacter* y *Alcanivorax* han demostrado su potencial degradador de hidrocarburos, aromáticos, lineales y gaseosos, participando en momentos intermedios y finales del proceso [39, 40, 41]. La prevalencia de estos géneros podría indicar una capacidad de adaptación a ambientes de contaminación prolongada a compuestos del petróleo, lo cual permite la selección natural de microorganismos con rutas metabólicas específicas para el aprovechamiento del carbono disponible [42].

No obstante, dentro de la identificación de géneros se encontraron unos con potencial patógeno como *Vibrio*, *Pseudomonas*, *Aeromonas*, *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Escherichia* y *Shigella*. La presencia de estos refleja una posible coexistencia de bacterias oportunistas en zonas con estrés ambiental y una alta carga o desechos orgánicos, lo cual favorece la proliferación de factores de virulencia y adquisición de genes de resistencia [43]. *Vibrio*, tiene una alta capacidad de supervivencia en ambientes marinos con elevadas concentraciones de nutrientes y, al ser oportunista, puede afectar tanto a organismos marinos como humanos [44]. *Klebsiella* y *Shigella* tienen la posibilidad de combinar sus rutas metabólicas de degradación de hidrocarburos junto con la capacidad de formar biopelículas y resistencia a antibióticos, siendo relevante su presencia a nivel ecológico y sanitario [45]. Esta evidencia puede sugerir una posible dualidad donde pueden actuar como reservorio ecológico de patógenos con gran potencial evolutivo y adaptativo. *Enterobacter* y *Escherichia* son indicadores de contaminación fecal, lo cual es pertinente junto con las condiciones ambientales en el momento del muestreo [46]. El enfoque metagenómico permitió identificar taxones asociados a la degradación de hidrocarburos y también, la detección de potenciales reservorios patógenos, lo cual pone en evidencia la necesidad de integrar análisis funcionales y metabólicos donde se puedan evaluar los riesgos tanto ecológicos como sanitarios y la relación prevalente entre estos.

Durante el análisis de abundancias relativas, se evidenció la presencia de géneros que tienen la capacidad de generar biosurfactantes, los cuales son esenciales para una eficiente degradación de hidrocarburos puesto que favorece la emulsificación y la biodisponibilidad [47]. Entre ellos destacan *Alcanivorax*, *Marinobacter* y *Halomonas* los cuales se han podido describir como potenciales productores ramnolípidos, surfactinas y glicolípidos extracelulares que reducen la tensión superficial y facilitan el acceso bacteriano al contaminante [48, 49, 50]. Contribuye a la solubilización de hidrocarburos complejos y potencia la actividad de otros microorganismos presentes en el ambiente. La presencia de estos taxones en ambientes acuáticos contaminados sugiere que las comunidades bacterianas son funcionalmente integradas, siendo la producción de biosurfactante como un método adaptativo vital para la optimización de los procesos bajo condiciones extremas.

El perfil de la comunidad microbiana en ambientes contaminados es uno de los aspectos de mayor importancia para entender la interacción ambiente-contaminante. Los diversos índices empleados (Shannon, Berger-Parker, riqueza y rareza) permiten de manera complementaria la interpretación de la complejidad ecológica del sistema. El índice de Shannon, al contener la riqueza y equitatividad, permite una visualización general del equilibrio entre los taxones; mientras que el índice de Berger-Parker actúa como su contraparte, al resaltar la dominancia de los grupos más abundantes. La relación inversa entre ambos índices permite confirmar la consistencia de los patrones observados, ya que un alto Shannon suele corresponder con un bajo Berger-Parker, indicando comunidades más equitativas y menos dominadas. Por otro lado, la riqueza aporta información acerca de la cantidad total de taxones detectados, lo que complementa la información de Shannon al distinguir si la diversidad encontrada se debe a una mayor variedad de especies o una distribución más equilibrada entre ellas. Finalmente, la rareza al señalar la presencia de taxones poco comunes permite la visualización de una dimensión ecológica adicional reflejando procesos de colonización, adaptación o resiliencia frente a perturbaciones.

La distribución observada de coordenadas principales (PCoA) permite sugerir que las comunidades bacterianas responden distinto a las variables de las condiciones ambientales y al contaminante en cada región. Agrupaciones compactas como Finlandia y China pueden dar un indicio de una homogeneidad en el ecosistema.

o a una similitud estructural del contaminante, disminuyendo así, la variabilidad interna. Por otro lado, Noruega e Italia mostraron la mayor dispersión y heterogeneidad, lo que se podría asociar a las variaciones locales de las muestras tales como salinidad, temperatura o disponibilidad del hidrocarburo como nutriente. Como se analizó anteriormente, las condiciones de Perú y Noruega para ser tan cercanos, se puede relacionar por la influencia de las condiciones acuáticas frías, como las de la Corriente Humboldt que favorece la proliferación de bacterias psicrófilas. En esto se refleja la importancia de las condiciones geográficas y climáticas que moldean la dinámica ecológica y funcional de comunidades bacterianas en ambientes contaminados.

Un aspecto fundamental que fue revelado por los análisis metagenómicos fue la aparición de microorganismos no cultivables, representando una fracción significativa de la diversidad microbiana. Estos microorganismos son imposibles de aislar por métodos tradicionales de cultivo, afectando la identificación del taxón; y desarrollan funciones metabólicas esenciales que han sido subestimadas por las limitaciones para la caracterización de estos [51]. De esta manera, se identificó el género C1-B045 predominante en Finlandia y en menor proporción, Perú. Aunque su identificación exacta, fisiología y capacidad degradadora no han sido descritas experimentalmente, la aparición en este tipo de zonas sugiere un posible potencial ecológico y participación en procesos de transformación o sinergia con microorganismos degradadores. Estos hallazgos resaltan la necesidad de estudios complementarios que permitan integrar las multi-ómicas para predecir funciones ecológicas y análisis de redes de coocurrencia para revelar interacciones simbióticas o complementarios con otros géneros degradadores [52, 53].

Este estudio presentó algunas limitaciones que se deben considerar al momento de interpretar los resultados. En primer lugar, la desigualdad en el número de muestras analizadas entre países, como Perú, Noruega y Rusia, pueden haber influido en la representatividad de los taxones bacterianos observados, causando una posible sobreestimación de ciertos taxones dominantes. De esta manera, al tratarse de datos públicos tomados de proyectos de MGnify, las condiciones o variables originales del muestreo tales como profundidad, muestra, temperatura, concentración de hidrocarburos, tipo de contaminante, no fueron uniformes limitando una comparación directa y real entre los países. También, el uso del gen 16S rRNA fue el que permitió una aproximación de la estructura microbiana empero, una resolución taxonómica limitada que impidió caracterizar a nivel de especie y distinguir entre cepas con funciones ecológicas. Es por esto que, se recomienda complementar con futuros estudios con enfoques metatranscriptómicos o metagenómicos integrales que den paso a la identificación de su papel ecológico en la degradación de hidrocarburos. A pesar de todo esto, el enfoque bioinformático permitió integrar información de distintos países con diferentes condiciones geográficas y climáticas, aportando así una visión de manera global a las tendencias microbianas en aguas contaminadas por hidrocarburos.

1. CONCLUSIONES

El estudio realizado tuvo como objetivo identificar y caracterizar la diversidad microbiana presente en aguas contaminadas por hidrocarburos mediante un análisis metagenómico, donde se pudo lograr el análisis de una amplia cantidad de comunidades bacterianas con predominio por *Proteobacteria* y *Desulfobacterota*, phylums esenciales en el proceso de la degradación aerobia y anaerobia de compuestos del petróleo. Se evidenció variabilidad entre países, determinadas por factores ambientales y geográficos. Países como China y Finlandia presentaron comunidades microbianas más diversas y equilibradas, mientras que, Noruega y Rusia evidenciaron dominancia de taxones especializados y adaptados a condiciones específicas.

Familias como *Colwelliaceae*, *Shewanellaceae* y *Porticoccaceae* demostraron un importante potencial degradador, debido a que están vinculadas a genes funcionales relacionados con la oxidación de hidrocarburos alifáticos y aromáticos. A pesar de esto, la identificación de bacterias con un potencial patógeno resalta la necesidad también de evaluar riesgos ecológicos y un futuro estudio funcional con el fin de identificar rutas metabólicas, caracterización de microorganismos no cultivables y genes implicados en la degradación de estos contaminantes. Finalmente, la integración futura de enfoques metagenómicos, transcriptómicos y metabolómicos es lo que permitirá que se pueda profundizar en la comprensión de las rutas metabólicas implicadas, fortaleciendo así el diseño de estrategias biorremediadoras más específicas, seguras y sostenibles.

2. AGRADECIMIENTOS

Yabneel Soto Rosales

En primer lugar, quiero agradecer a Dios por brindarme la oportunidad de hacer realidad mis sueños, por acompañarme y fortalecerme en cada paso de este camino, sin Él nada habría sido posible.

A mi familia, especialmente a mis padres, por su amor y apoyo incondicional, este logro también es de ustedes.

A la Universidad Santiago de Cali, por abrirme las puertas y permitirme formar parte de su comunidad estudiantil. Gracias por brindarme la oportunidad de cursar una carrera tan maravillosa como lo es la Microbiología, una disciplina que despertó en mí la pasión por la ciencia y el deseo constante de aprender.

Le agradezco al profesor Juan Diego Duque, mi tutor, por su orientación y apoyo en cada etapa de este proceso. Gracias por su paciencia, entrega y transmitirnos su conocimiento con tanto compromiso y empatía. Su ejemplo como profesional y como persona deja una huella imborrable en mi formación.

También extendiendo mi gratitud a todo el profesorado que hizo parte de este proceso, cada uno me dejó enseñanzas valiosas tanto académicas como profesionales las cuales llevaré conmigo siempre. En especial a mi profesora Lucía Quintero, de bachillerato, gracias a ella descubrí el asombroso mundo de la ciencia y comprendí que este era el camino que quería seguir.

Gracias a mis compañeros y amigos de carrera, por sus risas, desvelos, logros y tropiezos en estos cinco años que hicieron sobrellevar este largo camino y, personas cercanas e importantes fuera del aula que jugaron un papel vital brindando su hombro en el cual pude apoyarme cuando lo necesitaba, su apoyo, comprensión y compañía fueron fundamentales.

Finalmente, gracias a todos los que hicieron parte de este proceso, de una u otra manera son partes importantes para poder llegar a este anhelado logro.

Sarah Villanueva

En primer lugar, gracias infinitas a mis padres por su amor y apoyo incondicional, su fe en mí, incluso en los momentos más difíciles, ha sido el pilar sobre el cual se construye este logro, gracias por brindarme la educación, los valores y la fuerza que me han permitido llegar hasta aquí; todo lo que soy y he alcanzado se los debo a ustedes.

Mi más profundo agradecimiento al profesor Juan Diego Duque, tutor de este proyecto, por su invaluable guía, paciencia y compromiso. Su vocación, dedicación y conocimiento fueron fundamentales para orientar este proceso y convertirlo en una experiencia de aprendizaje profunda y enriquecedora.

A la Universidad Santiago de Cali, por abrirme las puertas, brindarme las herramientas necesarias para mi formación profesional y ser el escenario donde crecí tanto académica como personalmente.

Extendiendo mi gratitud a todos los profesores que formaron parte de mi proceso académico, quienes con su saber, exigencia y ejemplo, despertaron en mí una profunda admiración por la ciencia y por esta hermosa carrera de Microbiología, que me permitió comprender la vida desde su nivel más esencial y valorar la importancia del conocimiento en beneficio de la sociedad y del medio ambiente.

Finalmente, agradezco profundamente a todas las personas que hicieron parte de este proceso, a quienes me acompañaron tanto en los momentos más difíciles como en aquellos de calma y aprendizaje: amigos, compañeros y familiares que estuvieron presentes en cada etapa de este camino lleno de esfuerzo y transformación. En especial, a Astrid quien durante todos estos años, y particularmente en los últimos cinco, se convirtió en un apoyo constante, una fuente de confianza y un impulso invaluable.

Cada uno de ustedes aportó fortaleza, aliento y compañía cuando más lo necesité. Gracias por ser mi sostén, mi red de apoyo y, sobre todo, la familia que la vida me permitió elegir.

3. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] H. Rajabi, M. H. Mosleh, T. Prakoso, N. Ghaemi, P. Mandal, A. Lea-Langton y M. Sedighi, "Competitive adsorption of multicomponent volatile organic compounds on biochar", *Chemosphere*, vol. 283, p. 131288, 2021.
- [2] A. Fakhru'l-Razi, A. Pendashteh, L. C. Abdullah, D. R. A. Biak, S. S. Madaeni y Z. Z. Abidin, "Review of technologies for oil and gas produced water treatment", *J. Hazard. Mater.*, vol. 170, no. 2–3, pp. 530–551, 2009.
- [3] M. Paris de Ferrer, *Inyección de agua y gas en yacimientos petrolíferos*. Maracaibo: Asiro Data S.A., 2001.
- [4] Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico, "Impacto ambiental de los hidrocarburos y recuperación de los ecosistemas" [Online]. Disponible en:

- https://www.miteco.gob.es/es/costas/temas/proteccion-medio-marino/plan-ribera/contaminacion-marina-accidental/impacto_ambiental.html. [Consultado: 2-oct-2025].
- [5] M. D. King, J. E. Elliott y T. D. Williams, "Effects of petroleum exposure on birds: A review", *Sci. Total Environ.*, vol. 755, p. 142834, 2021.
- [6] E. R. Long, C. G. Ingersoll y D. D. MacDonald, "Calculation and uses of mean sediment quality guideline quotients: a critical review", *Environ. Sci. Technol.*, vol. 40, no. 6, pp. 1726–1736, 2006.
- [7] R. Almeda, Z. Wambaugh, Z. Wang, C. Hyatt, Z. Liu y E. J. Buskey, "Interactions between zooplankton and crude oil: toxic effects and bioaccumulation of polycyclic aromatic hydrocarbons", *PLoS One*, vol. 8, no. 6, e67212, 2013.
- [8] D. Dave y A. E. Ghaly, "Remediation technologies for marine oil spills: a critical review and comparative analysis", *Am. J. Environ. Sci.*, vol. 7, pp. 423–440, 2011.
- [9] S. Azizian y M. Khosravi, "Oil Spill Remediation: A Review of Emerging Chemical, Biological, and Physical Treatment Technologies", *J. Environ. Chem. Eng.*, vol. 7, no. 3, p. 103283, 2019.
- [10] A. F. Almansoori, H. Abu Hasan, M. Idris, S. R. Sheikh Abdullah, N. Anuar y E. M. Musa Tibin, "Biosurfactant production by the hydrocarbon-degrading bacteria (HDB) *Serratia marcescens*: Optimization using central composite design (CCD)", *J. Ind. Eng. Chem.*, vol. 47, pp. 272–280, 2017.
- [11] N. Palanisamy, J. Ramya, S. Kumar, N. Vasanthi, P. Chandran y S. Khan, "Diesel biodegradation capacities of indigenous bacterial species isolated from diesel contaminated soil", *J. Environ. Health Sci. Eng.*, vol. 12, no. 1, p. 142, 2014.
- [12] H. B. Gosai, H. Z. Panseriya, P. G. Patel, A. C. Patel, A. Shankar, S. Varjani y B. P. Dave, "Exploring bacterial communities through metagenomics during bioremediation of polycyclic aromatic hydrocarbons from contaminated sediments", *Sci. Total Environ.*, vol. 842, p. 156794, 2022.
- [13] C. M. Alves, C. M. H. Ferreira y H. M. V. M. Soares, "Relation between different metal pollution criteria in sediments and its contribution on assessing toxicity", *Chemosphere*, vol. 208, pp. 390–398, 2018.
- [14] J. Cui y P. Dörmann, "Microbial degradation of hydrocarbons from petroleum assisted by biosurfactants: Pathways and bioremediation potential", *Biochimie*, 2025.
- [15] R. Antonioli, J. de Faria Poloni, M. A. Riveros Escalona y M. Dorn, "Functional response of microbial communities in lab-controlled oil-contaminated marine sediment", *Mol. Omics*, vol. 19, no. 10, pp. 756–768, 2023.
- [16] H. Z. Hamdan, F. A. Ahmad, R. M. Zayyat y D. A. Salam, "Spatio-temporal variation of the microbial community of the coast of Lebanon in response to petroleum hydrocarbon pollution", *Mar. Pollut. Bull.*, vol. 192, p. 115037, 2023.
- [17] A. Arias, C. Gabriel, C. González y E. Andrés, "Identificación molecular de consorcios bacterianos resistentes a metales pesados provenientes de aguas residuales de una industria hidrocarbúrfica en la provincia de Esmeraldas-Ecuador", Tesis de pregrado, Univ. Politécnica Salesiana, Ecuador, 2016. [Online]. Disponible en: <https://dspace.ups.edu.ec/handle/123456789/13241>.
- [18] A. L. Mitchell et al., "MGnify: el recurso para el análisis del microbioma en 2020", *Nucleic Acids Res.*, 2019. doi: 10.1093/nar/gkz1035.
- [19] S. Andrews, "FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data", 2010. [Online]. Disponible en: <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc>.
- [20] D. E. Wood, J. Lu y B. Langmead, "Improved metagenomic analysis with Kraken 2", *Genome Biol.*, vol. 20, no. 1, p. 257, 2019. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1891-0>.
- [21] C. Quast et al., "The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools", *Nucleic Acids Res.*, vol. 41, D590–D596, 2013.
- [22] F. P. Breitwieser y S. L. Salzberg, "Pavian: Análisis interactivo de datos metagenómicos para estudios de microbioma e identificación de patógenos", *Bioinformatics*, vol. 36, no. 4, pp. 1303–1304, 2020. [23] H. Wickham, *Análisis de datos espaciales aplicados con R: Gráficos elegantes para el análisis de datos: ggplot2*. Springer, 2008.
- [24] P. J. McMurdie y S. Holmes, "Phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data", *PLoS One*, 2013. [25] P. Dörr de Quadros et al., "Los lodos oleosos estimulan la actividad microbiana y modifican la estructura microbiana en un suelo agrícola", *Int. Biodeterior. Biodegrad.*, vol. 115, pp. 90–101, 2016. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2016.07.018>.
- [26] M. N. Joshi et al., "Metagenomics of petroleum muck: revealing microbial diversity and depicting microbial syntrophy", *Arch. Microbiol.*, vol. 196, pp. 531–544, 2014.
- [27] T. C. Yadav et al., "Metagenómica comparativa que demuestra la diferente capacidad degradativa de la biomasa activada en el tratamiento de aguas residuales contaminadas con hidrocarburos", *Bioresour. Technol.*, vol. 188, pp. 24–32, 2015.

- [28] Y. Warkhade et al., "Diversity and Distribution of Hydrocarbon-Degrading Genes in the Cold Seeps from the Mediterranean and Caspian Seas", *Microorganisms*, vol. 13, no. 2, p. 222, 2025.
- [29] W. Wang, S. Sun, X. Sun, G. Zhang y F. Zhang, "Spatial patterns of zooplankton size structure in relation to environmental factors in Jiaozhou Bay, South Yellow Sea", *Mar. Pollut. Bull.*, vol. 150, p. 110698, 2020.
- [30] F. Alvisi, M. Giani, M. Ravaioli y P. Giordano, "Papel del ambiente sedimentario en el desarrollo de hipoxia y anoxia en la plataforma del noroeste del Adriático (Italia)", *Estuar. Coast. Shelf Sci.*, vol. 128, pp. 9–21, 2013.
- [31] Corriente de Humboldt, "Corriente de Humboldt", *EcuRed*, 2019. [Online]. Disponible en: https://www.ecured.cu/index.php?title=Corriente_de_Humboldt&oldid=3486178. [Consultado: 3-oct-2025].
- [32] O. U. Mason, J. Han, T. Woyke y J. K. Jansson, "Single-cell genomics reveals features of a *Colwellia* species that was dominant during the Deepwater Horizon oil spill", *Front. Microbiol.*, vol. 5, p. 332, 2014.
- [33] S. Mishamandani, T. Gutierrez, D. Berry y M. D. Aitken, "Response of the bacterial community associated with a cosmopolitan marine diatom to crude oil shows a preference for the biodegradation of aromatic hydrocarbons", *Environ. Microbiol.*, vol. 18, no. 6, pp. 1817–1833, 2016.
- [34] M. Labrenz, P. A. Lawson, B. J. Tindall, M. D. Collins y P. Hirsch, "*Saccharospirillum impatiens* gen. nov., sp. nov., a novel γ -Proteobacterium isolated from hypersaline Ekho Lake (East Antarctica)", *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, vol. 53, pp. 653–660, 2003.
- [35] A. Hameed et al., "*Siansivirga zeaxanthinifaciens* gen. nov., sp. nov., un nuevo miembro de la familia Flavobacteriaceae productor de zeaxantina aislado del agua de mar costera de Taiwán", *FEMS Microbiol. Lett.*, vol. 333, no. 1, pp. 37–45, 2012.
- [36] Y. Xu et al., "*Sinomicrobium oceani* gen. nov., sp. nov., un miembro de la familia Flavobacteriaceae aislado de sedimentos marinos", *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.*, vol. 63, pp. 1045–1050, 2013. [37] Z. Yan et al., "Variación mensual, factores ambientales y funciones ecológicas de la comunidad bacteriana marina en una zona costera eutrófica de China", *Microorganisms*, vol. 13, no. 4, p. 837, 2025.
- [38] Y. J. Chen et al., "Microorganismos ocultos de degradación de hidrocarburos en el Ártico", *Environ. Microbiome*, vol. 19, p. 81, 2024.
- [39] Y. Li, Y. Liu, D. Guo y H. Dong, "Differential degradation of petroleum hydrocarbons by *Shewanella putrefaciens* under aerobic and anaerobic conditions", *Front. Microbiol.*, vol. 15, p. 1389954, 2024.
- [40] T. D. Peña-Montenegro et al., "Species-specific responses of marine bacteria to environmental perturbation", *ISME Commun.*, vol. 3, no. 1, p. 99, 2023.
- [41] B. Dede et al., "High abundance of hydrocarbon-degrading *Alcanivorax* in plumes of hydrothermally active volcanoes in the South Pacific Ocean", *ISME J.*, vol. 17, no. 4, pp. 600–610, 2023.
- [42] E. Pandolfo, A. Barra Caracciolo y L. Rolando, "Avances recientes en la degradación bacteriana de hidrocarburos", *Agua*, vol. 15, no. 2, p. 375, 2023.
- [43] J. Wang y J. Zhou, "Petroleum exploitation enriches the sulfonamide resistance gene *sul2* in offshore sediments", *J. Oceanol. Limnol.*, vol. 39, no. 3, pp. 946–954, 2021.
- [44] H.-N. Lin et al., "Quorum sensing: an emerging role for *Vibrio* infection and host defense", *Infect. Microbes Dis.*, vol. 6, no. 2, pp. 47–55, 2024.
- [45] R. Ranjbar y A. Farahani, "Shigella: mecanismos de resistencia a los antibióticos y nuevos horizontes para el tratamiento", *Infect. Drug Resist.*, vol. 12, pp. 3137–3167, 2019.
- [46] P. K. Roy et al., "Comprehensive analysis of predominant pathogenic bacteria and viruses in seafood products", *Compr. Rev. Food Sci. Food Saf.*, vol. 23, no. 4, e13410, 2024.
- [47] M. F. Imron, S. B. Kurniawan y H. S. Titah, "Potential of bacteria isolated from diesel-contaminated seawater in diesel biodegradation", *Environ. Technol. Innov.*, vol. 14, no. 100368, p. 100368, 2019.
- [48] M. M. Yakimov et al., "*Alcanivorax borkumensis* gen. nov., sp. nov., a new, hydrocarbon-degrading and surfactant-producing marine bacterium", *Int. J. Syst. Bacteriol.*, vol. 48, pt. 2, pp. 339–348, 1998.
- [49] B. Zenati et al., "A non-toxic microbial surfactant from *Marinobacter hydrocarbonoclasticus* SdK644 for crude oil solubilization enhancement", *Ecotoxicol. Environ. Saf.*, vol. 154, pp. 100–107, 2018.
- [50] A. Dhasayan, G. S. Kiran y J. Selvin, "Production and characterisation of glycolipid biosurfactant by *Halomonas* sp. MB-30 for potential application in enhanced oil recovery", *Appl. Biochem. Biotechnol.*, vol. 174, no. 7, pp. 2571–2584, 2014.
- [51] L. A. Pazos-Rojas et al., "The viable but non-culturable (VBNC) state, a poorly explored aspect of beneficial bacteria", *Microorganisms*, vol. 12, no. 1, p. 39, 2023.
- [52] S. Lamichhane, P. Sen, A. M. Dickens, T. Hyötyläinen y M. Orešič, *Data Analysis for Omic Sciences: Methods and Applications*, *Comprehensive Analytical Chemistry*, 2018.
- [53] S. Lata, S. Sharma y S. Kaur, "OMICS approaches in mitigating metal toxicity in comparison to conventional techniques used in cadmium bioremediation", *Water Air Soil Pollut.*, vol. 234, no. 3, 2023.

