

# **Diversidad de la microbiota en vinaza: Población microbiana y desafíos para la sostenibilidad en la producción de etanol**

Autor

**Sebastian Castañeda Sánchez**

Director

**Jose Fernando Oñate Garzón**

**Microbiólogo**

**Facultad de Ciencias Básicas**

**Microbiología**

**Universidad Santiago de Cali**

**Santiago de Cali - Colombia**

**2025**

# **Diversidad de la microbiota en vinaza: Población microbiana y desafíos para la sostenibilidad en la producción de etanol**

**Sebastian Castañeda Sánchez**

**Trabajo de grado presentado como requisito parcial para optar al título de:  
Microbiólogo**

**Director (a)  
Jose Fernando Oñate Garzón**

**Grupo de Investigación: Quibio**

**Línea de Investigación: Desarrollo tecnológico y biotecnológico**

**Producción y consumo responsable**

**Universidad Santiago de Cali  
Facultad de Ciencias Básicas  
Programa de Microbiología  
Ciudad, Colombia  
2025**

## IMPACTOS

Relacione el (los) impacto(s) que presentó el Trabajo de Grado según los siguientes criterios:

IMPACTO	PRODUCTO	BENEFICIARIO(S)
<b>Económico</b>	Dentro de los productos económicos podemos obtener información valiosa para determinar el uso de la vinaza según sus características microbianas, reducir costos de limpieza y desinfección mediante criterio de recirculación y obtención de rendimientos de alcohol elevados dependiendo de los criterios de recircular este subproducto	Las organizaciones o personas que se benefician económicamente principalmente son los ingenios destilerías de alcohol, debido a que este trabajo les dará un indicio de que microorganismos se encuentran comúnmente en la vinaza recirculada y como realizar estudios que permitan identificar a través de la metagenómica la carga microbiana de sus subproductos.
<b>Responsabilidad social</b>	Con el siguiente estudio se espera fomentar una responsabilidad con el adecuado uso de los residuos de la industria destilería, obteniendo un conocimiento sobre la microbiología y cómo este puede afectar los campos, la biodiversidad de la rizosfera y como indirectamente puede afectar las comunidades cercanas a los campos que se utiliza este subproducto	Al tener una responsabilidad social con este trabajo monográfico podemos beneficiar a las comunidades aledañas para determinar planes de acción que les permita utilizar este residuo de manera controlada, a los ingenios para realizar un adecuado tratamiento de su residuo y a la comunidad científica donde se permita fomentar la investigación en sus diferentes regiones o países para determinar la vida microbiana en la vinaza y observar las afectaciones desde el punto de vista de la microbiología.
<b>Científico</b>	El estudio se centra en la biotecnología a través de la metagenómica como podemos determinar la microbiota de la vinaza y cuales son los metabolismos involucrados según los estudios previos que se han hecho en los últimos años, obteniendo así información	Principalmente se los ingenios destileros son los que se verán beneficiados a través de la ciencia debido a que podrán determinar cómo llevar un plan de investigación y desarrollo de productos con el subproducto a través de enzimas incorporadas en los

	crucial para la obtención de nuevos productos o utilidades de la vinaza para las industrias alimentarias, cosméticas o farmacéuticas.	microorganismos, y determinando cual es la microbiota que se está utilizando en los cultivos como fermentación.
<b>Indicadores de Gestión</b>	A través de esta revisión sistemática se podrá obtener una información sobre la tendencia de las vinazas con el fin de fomentar a la acción correctiva de los procesos con el fin de optimizarlos y obtener mejores rendimientos de etanol y otros subproductos	Los beneficiarios de este punto como se ha mencionado son los ingenios que podrán recurrir a la información de este trabajo, lo que permitirá que analicen la acción de los microorganismos y como se puede mejorar la acción de fermentación.
<b>Tecnológico</b>	Se fomenta a través de este documento la importancia de utilizar tecnologías como la metagenómica y meta taxonómica para la caracterización de vinazas en las distintas industrias destilerías de alcohol.	Esta sección va dirigida a la comunidad científica que requiera información sobre las tendencias y tecnologías que se utilizan para la identificación de microorganismos, con el fin de generar conocimiento que pueda ser aplicado en la práctica.
<b>Técnico</b>	El impacto técnico se centra en el fortalecimiento de la capacidad de analizar y optimizar la información requerida para generar un artículo científico con validez, datos confiables y robustez.	En esta sección se beneficia el tesista redactor del documento, debido a que podrá alcanzar conocimiento y desarrollar un artículo que permita aprender, y desarrollar textos con información adecuada en la metagenómica.
<b>Ambiental</b>	Fomentar la importancia de conocer la microbiota de la vinaza para la recirculación en los sistemas de fermentación y la fertilización de los campos con esta carga microbiana, analizando los beneficios y los impactos negativos de utilizar la vinaza sin caracterizar sus organismos presentes.	Los ingenios, agricultores serán los beneficiarios de esta sección, lo que les permitirá tener información crucial sobre las características microbiológicas de la vinaza y cómo afectan los campos
<b>Social</b>	Generar la necesidad de implementar la metagenómica en los ingenios o organizaciones enfocadas en la investigación para generar empleo y conocimiento sobre la microbiología.	Comunidades, profesionales que encuentren curiosidad en los procesos destileros y cómo aprovechar los subproductos generados.

<b>Cultural</b>	Incentivar el conocimiento sobre los microorganismos y cómo estos pueden ser utilizados a favor de la sostenibilidad económica de las industrias	Agricultores, obteniendo conocimiento de los microorganismo podrán tomar decisiones amigables con sus cultivos al momento de utilizar la vinaza como producto de abono orgánico
-----------------	--	---

# Diversidad de la microbiota en vinazas: Población microbiana y desafíos para la sostenibilidad en la producción de etanol

Sebastian Castañeda Sánchez<sup>1</sup> ; Jose Fernando Oñate Garzon<sup>2</sup>  
([sebastian.castaneda00@usc.edu.co](mailto:sebastian.castaneda00@usc.edu.co); [jose.onate00@usc.edu.co](mailto:jose.onate00@usc.edu.co))

Grupo de Investigación Quibio, Programa de Microbiología. Facultad de Ciencias Básicas. Universidad Santiago de Cali. Campus Pampalinda Calle 5 # 62-00. Santiago de Cali. Colombia

## RESUMEN

En el sector azucarero, la producción de bioetanol se ha convertido en una alternativa clave frente al etanol sintético derivado del petróleo, con el propósito de mitigar el impacto ambiental. No obstante, el incremento de la producción de bioetanol ha generado un aumento en la generación de vinaza (12 L de vinaza/ 1 L de etanol), un subproducto que plantea desafíos ambientales significativos. Durante la fermentación, se emplean materias primas como miel y meladuras, junto con levaduras específicas. La acumulación de vinaza ha impulsado la búsqueda de estrategias para minimizar su impacto, como la recirculación y métodos como Biostyle. Por consiguiente, se han realizado estudios que permiten analizar el impacto ambiental de las vinazas posterior a la destilación y concentración. De Acuerdo a esto se planteó un objetivo que consistió en revisar la información de estudios previos sobre la diversidad microbiana encontrada en la vinaza de caña de azúcar posterior a la destilación. Se evidenció la presencia de diversas comunidades microbianas con influencia en la estabilidad del proceso, algunas de las cuales pueden afectar el rendimiento de la fermentación alcohólica generando productos de bajo interés. Asimismo, se evidenció el reporte de microorganismos con potencial para el aprovechamiento de la vinaza en estrategias de valorización como el compostaje, la recirculación en los procesos fermentativos y la mitigación ambiental, entre ellos bacterias fermentativas (*Lactobacillus*), productoras de biogás (*Desulfotomaculum*), desnitrificantes (*Pseudomonas*) y acidogénicas (*Caproiciproducens*). Estos hallazgos resaltan la importancia de comprender la microbiota para optimizar su manejo y contribuir a la sostenibilidad del proceso de producción de bioetanol.

**Palabras clave:** *Diversidad microbiana; Producción de bioetanol; Sostenibilidad; Vinaza.*

# **Microbiota diversity in vinasse: Microbial population and challenges for sustainability in ethanol production**

## **ABSTRACT**

In the sugar sector, bioethanol production has become a key alternative to synthetic petroleum-derived ethanol, seeking to mitigate environmental impact. However, the increase in bioethanol production has led to an increase in the generation of vinasse (12 L of vinasse/1 L of ethanol), a byproduct that poses significant environmental challenges. During fermentation, raw materials such as honey and molasses are used, along with specific yeasts. The accumulation of vinasse has prompted the search for strategies to minimize its impact, such as recirculation and methods like Biostyle. Consequently, studies have been conducted to analyze the environmental impact of vinasse after distillation and concentration. Accordingly, an objective was set to review information from previous studies on the microbial diversity found in sugarcane vinasse after distillation. The presence of diverse microbial communities that influence process stability was evident, some of which can affect the yield of alcoholic fermentation, generating products of low value. Likewise, microorganisms with potential for utilizing vinasse in valorization strategies such as composting, recirculation in fermentation processes, and environmental mitigation were reported. These included fermentative (*Lactobacillus*), biogas-producing (*Desulfotomaculum*), denitrifying (*Pseudomonas*), and acidogenic (*Caproiciproducens*) bacteria. These findings highlight the importance of understanding the microbiota to optimize its management and contribute to the sustainability of the bioethanol production process.

**Keywords:** *Microbial diversity; Bioethanol production; Sustainability; Vinasse.*

## **HIGHLIGHTS**

1. Identifica la diversidad microbiana en vinazas industriales.
2. Conocer los metabolitos presentes en las vinazas y su influencia en el proceso de producción de etanol.
3. Identificación de desafíos y oportunidades para una producción sostenible de etanol.

## 1. INTRODUCCIÓN

La caña de azúcar, cultivada en más de 120 países de clima tropical, constituye una de las principales materias primas para la producción de bioetanol. Este biocombustible renovable es reconocido por su aporte a la mitigación de las emisiones de gases de efecto invernadero, destacándose como una alternativa energética sostenible (Cerrón, 2023; Ramos Londoño, 2023). No obstante, el proceso de producción de bioetanol, particularmente en países latinoamericanos como Brasil y Colombia, genera considerables volúmenes de vinaza (Christofoletti et al., 2013; Mora, 2015). Este efluente líquido cuenta con una alta carga orgánica y rico contenido de nutrientes. A pesar de sus posibles aplicaciones beneficiosas, como la fertirrigación, el compostaje y la digestión anaerobia que permite reducir la carga contaminante generando biogás como fuente de energía, además de obtener sólidos clase A para la fertilización, la vinaza también presenta desafíos significativos en su manejo (Ratkovich et al., 2023; Providencia, 2012; Malabadi et al., 2022).

Uno de los principales retos para disminuir el impacto que tiene la vinaza es la recirculación en el proceso fermentativo. La vinaza se puede utilizar estratégicamente en el reciclaje dentro de las biorrefinerías de caña de azúcar para mejorar la producción de etanol. Según Białas et al. (2010), hasta el 75% del agua dulce utilizada en la etapa de fermentación puede ser reemplazada por vinaza, previa a ser sometida a pasos simples de enfriamiento y centrifugación antes de su reciclaje. Además, la implementación de concentraciones de vinaza en procesos de evaporadores múltiples puede reducir considerablemente el consumo de energía (Zengchao et al., 2012). Este enfoque no solo optimiza la utilización de la vinaza, sino que también contribuye a una extracción de energía más eficiente de su fracción orgánica biodegradable (Fuess et al., 2022B).

Por otro lado, la recirculación de vinaza en la producción de bioetanol, que representa aproximadamente el 44% de la vinaza producida, ayuda a la reducción del consumo de agua para optimizando recursos naturales y evita la trofofase de los microorganismos que apoyan la síntesis de etanol de segunda generación, el cual se produce a partir de residuos lignocelulósicos como la biomasa residual de la caña de azúcar, melaza (Providencia, 2012; Ratkovich et al., 2023), sin embargo el constante uso de la recirculación de la vinaza a favorecido el crecimiento de microorganismos indeseados. Estos organismos pueden alterar el proceso al generar subproductos que inhiben la acción de las levaduras responsables de la fermentación, afectando tanto la eficiencia como la calidad del bioetanol producido. Aunque se han implementado técnicas de control, como el uso de detergentes, antibióticos y sustancias ácidas, estas prácticas no siempre son efectivas y pueden fomentar la resistencia microbiana, convirtiéndose en un desafío crítico para la optimización del proceso de producción de bioetanol (Brexó & Sant'Ana, 2017; Cenicaña, 2019; Pabon Serrano, 2020; Pilco et al., 2023).

En Colombia, el aumento en la producción de bioetanol ha intensificado el desafío asociado al manejo de la vinaza. Este subproducto, en las industrias sucroalcoholeras genera volúmenes de 10 a 15 litros por cada litro de alcohol producido, presenta propiedades fisicoquímicas variables, una elevada demanda química de oxígeno (DQO) de 70,000 - 150,000 mg/L, y una demanda biológica de oxígeno (DBO) de 35,000 - 60,000 mg/L. Estos indicadores expresan una alta carga orgánica y una fuerte demanda de oxígeno para tratar las vinazas, dificultando el manejo al subproducto, ya que puede provocar contaminación de cuerpos de agua y su tratamiento puede exigir procesos de alto consumo económico (Christofoletti et al., 2013; Parsaee et al., 2019; Patricia et al., 2025). Aunque se han desarrollado tecnologías de minimización y reutilización, como la digestión simple, análisis mutagénicos y la reutilización fraccionada en procesos fermentativos, la vinaza continúa siendo un reto ambiental considerable para los ingenios azucareros (Oñate et al., 2015; Cassman et al., 2018; Carvalho et al., 2023).

Desde el punto de vista microbiológico, en la vinaza se puede encontrar una alta diversidad microbiana, que incluye tanto microorganismos beneficiosos como *Saccharomyces cerevisiae* y *Kluyveromyces marxianus*, utilizados en los procesos fermentativos, como microorganismos indeseables en los procesos de fermentación etanólica, entre los que se destacan bacterias del género *Lactobacillus* y *Acetobacter*. Estos últimos son responsables de la producción de ácidos orgánicos como el láctico y acético lo que altera el pH del medio y también inhiben la actividad enzimática esencial para la conversión de azúcares en etanol. Esto no solo afecta la productividad, sino que compromete la calidad del bioetanol producido, requiriendo procesos adicionales de purificación que incrementan los costos de separación de compuestos y disminuyen la rentabilidad del proceso (Ceccato-Antonini, 2022; Costa et al., 2024). Otro factor que está comprometido es la síntesis de exopolisacáridos, esta sustancia contamina los diferentes equipos utilizados en la práctica de fermentación y separación de compuestos orgánicos, este fenómeno natural de algunos microorganismos puede incrementar la necesidad de métodos de limpieza y desinfección, los cuales deben ser implementados cuidadosamente para no afectar la vida microbiana que contribuye a la producción de etanol, como las levaduras utilizadas en el proceso (Cassman et al., 2018).

Además, los exopolisacáridos al obtener una gran cantidad de esta sustancia logran formar biopelículas, lo que puede comprometer los nutrientes claves de las levaduras interrumpiendo así la superficie de contacto que tienen las levaduras con los azúcares fermentables y otros micronutrientes provocando una afectación de manera negativa en la eficiencia y productividad del bioetanol (Rich et al., 2010; Daum, 2016; Sevilla et al., 2021). La complejidad de esta microbiota no solo dificulta la reutilización efectiva de la vinaza para la disminución de agua en el proceso del fermento, sino que también plantea desafíos significativos para el control y la optimización del proceso (Bhatt et al., 2022; Cassman et al., 2018; Cenicaña, 2019; Lv et al., 2022).

Los productos secundarios generados durante el proceso de fermentación alcohólica pueden afectar significativamente la eficiencia. Uno de los efectos más notorios es la floculación de las levaduras, que impide su correcta actividad fermentativa causada por el exopolisacárido (Cassman et al., 2018; Cenicaña, 2019; Lv et al., 2022). La incorporación de los microorganismos no deseados al proceso de la fermentación pueden provenir de diferentes procesos unitarios de los ingenios, como lo son el ingreso de materia prima como la melaza o jugo de caña, las tuberías que no se realiza una limpieza adecuada o incluso en la recirculación de la vinaza posterior a la destilación de etanol y concentración del mosto sobrante, como resultado se puede notar una disminución del rendimiento en los procesos de fermentación, lo que conlleva a pérdidas de un 1 - 3 % de alcohol industrial por día (Pabon Serrano, 2020; Ceccato-Antonini, 2022). A pesar de que existe información sobre los microorganismos presentes en la vinaza, es necesario sistematizar y profundizar en el análisis de su diversidad y características genéticas para comprender mejor su impacto en el proceso de fermentación y desarrollar estrategias efectivas de control y optimización.

En la actualidad, los avances en estudios científicos han impulsado un enfoque microbiológico desde una perspectiva genética, utilizando herramientas biotecnológicas que permiten identificar problemas y oportunidades de mejora e innovación en diversos campos de la microbiología. Una de estas herramientas es la metagenómica (Nam et al., 2023), que facilita el análisis molecular de comunidades microbianas, permitiendo la identificación de nuevas especies y rutas metabólicas que interactúan dentro de un ecosistema o medio específico (Quince et al., 2017; Nam et al., 2023). Desde el punto de vista sucroalcohólico, la metagenómica se ha posicionado como una estrategia clave, ya que permite identificar los microorganismos presentes en la vinaza y analizar sus interacciones metabólicas. Este enfoque no solo facilita la caracterización de las propiedades y funciones de estas comunidades microbianas, sino que también abre la posibilidad de aprovecharlas en beneficio de la economía circular de los ingenios azucareros (Ahmad et al., 2022; Nam et al., 2023).

Teniendo en cuenta lo anteriormente descrito, es crucial comprender la diversidad microbiana presente en la vinaza y las características funcionales de estos microorganismos. A partir de una revisión sistemática, se propone analizar estudios previos que hayan empleado herramientas como la metagenómica, secuenciación rARN 16S y meta-taxónicas para identificar los microorganismos asociados a la vinaza. Estos trabajos permitirán comprender cómo las comunidades microbianas influyen en los procesos industriales, ambientales y agronómicos, aportando información valiosa para el desarrollo de estrategias que mejoren la sostenibilidad en la producción de bioetanol.

Con lo anteriormente expuesto, se plantea la siguiente pregunta de investigación ¿Cuál es la diversidad microbiana en las vinazas y qué impacto tiene en la sostenibilidad de la producción de etanol?, para ello se procede a realizar el objetivo general, en este se revisará y resumirá la diversidad microbiana más destacada y los metabolitos asociados a la vinaza concentrada de la caña de azúcar posterior a su destilación, basándose en estudios previos. Para alcanzar el objetivo propuesto se dividirá en dos secciones específicas <sup>1</sup> Identificar los microorganismos reportados que están relacionados a la vinaza de caña de azúcar, basándose en la literatura científica disponible. <sup>2</sup> Identificar los metabolitos reportados en la vinaza y su influencia en el proceso de producción de etanol según los estudios existentes. Este artículo sintetiza la literatura científica publicada entre 2013 y 2025.

## **2. METODOLOGÍA**

En la revisión sistemática se implementó la metodología propuesta por Pati y Lorusso (2018), la cual incluye la definición clara de objetivos, criterios de inclusión y exclusión, además, la búsqueda estructurada en base de datos científicos, esto garantizó un análisis exhaustivo y reproducible de la literatura relevante. Adicionalmente se realizó una identificación, selección, evaluación y síntesis de estudios siguiendo las declaraciones PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses), lo que permitió realizar el marco para la elaboración y el reporte de los datos condensados en este artículo, garantizando transparencia y rigor metodológico (Page et al., 2021). Para realizar la búsqueda de información se utilizaron distintas bases de datos como lo fueron Elsevier, SpringerLink, Scencedirect, google scholar utilizando los siguientes booleanos “Vinaza” and “metagenomics” and “bioethanol” and “sugarcane” and “recirculation”, lo que facilitó la viabilidad de búsqueda y facilidad a la información registrada, la literatura que se encontró en las distintas fuentes se obtuvieron durante los últimos 11 años (2013 hasta el 2024), la recopilación de estudios indican la tendencia que se ha involucrado el uso de la vinaza y sus análisis metagenómicos. Al considerar este periodo de análisis el estudio pretendió identificar la diversidad microbiana utilizando la biotecnología contemporánea para realizar análisis metagenómicos y con estos resultado como identificaron los desafíos y oportunidades de mejoras en el uso adecuado de la vinaza determinando la microbiota.

En la literatura incluida se analizaron documentos donde la vinaza es utilizada en la circulación a los tanques de fermentación y cuando la vinaza es vertida en los pozos para otros usos (sin limitarse a un solo producto o proceso) que le generan un valor a este subproducto. Sin embargo, se aclara que el documento no incluye escenarios fisicoquímicos, impactos ambientales y económicos. Sin embargo si se incluyen estudios que reportan resultados sobre los metodos de extraccion, la metagenomica de la vinaza para determinar sus taxones y características esenciales que pueden impactar de forma negativa o positiva en este producto de interés industrial, además el estudio busca informar a las diferentes industrias que utilizan la vinaza a partir de caña de azúcar a relacionar y correlacionar los resultados obtenidos con futuros análisis metagenómicos. De igual forma se consideran los estudios de revisión y artículos escritos en español e inglés sin discriminar entre disciplinas y subdisciplinas.

Para la selección de los artículos más relevantes en esta investigación, se hizo un análisis detallado sobre los títulos, resúmenes y con ello descartando aquellos que no cumplieran con los criterios de inclusión, por otro lado los artículos y review que cumplieran con los parámetros establecidos se les realizó el análisis detallado incluyendo introducción, resultados, conclusiones y la metodología para resaltar los procedimientos metagenómicos, para ello se seleccionaron los más relevantes en metagenómica. Los artículos en su primera fase de consulta se anexaron la información en Microsoft Excel, esto permitió tener una base organizada y

finalmente los artículos que se clasificaron como “Cumplen” se organizaron en Mendeley Reference Manager. Con los documentos ya seleccionados se concentró de acuerdo a los siguientes datos: Título, País, Año, Uso de la vinaza, Tipo de análisis metagenómico, impacto del artículo.

### 3. RESULTADOS

Con la metodología ya planteada para realizar la revisión sistemática sobre la microbiota presente en la vinaza a partir de caña de azúcar, en la siguiente sección se presentan los principales hallazgos de los estudios analizados. Dando una fluidez a los hallazgos se presentan inicialmente los parámetros de búsqueda y selección de los estudios, se continuará con la condensación de cada estudio y finalmente se definen los desafíos de los trabajos revisados.

#### 3.1. Búsqueda en bases de datos.

Inicialmente se realiza una estrategia de búsqueda (**Tabla 1**), esto permite la identificación de artículos que se incluirá en la investigación para su posterior análisis y ejecución, entre los parámetros planteados se encuentra el periodo de búsqueda que se implementa en los últimos 10 años debido a los avances tecnológicos que se han presentado en la biotecnología, lo que permite relacionar los microorganismos presentes y su fluctuación de cambio en este periodo de tiempo. Se seleccionaron las bases de datos, debido a su amplio espectro en conocimientos tecnológicos y microbiológicos, lo que permite identificar adecuadamente la información. Adicionalmente se consideran las lecturas grises como lo son informes empresariales, trabajos universitarios, ya que estos pueden obtener información valiosa que no se ha publicado en las distintas bases científicas. Las palabras claves y los bloods que se escogieron abarcan el problema de investigación, lo que permitió identificar los artículos con mayor relevancia en el tema a tratar. Con estos parámetros iniciales se realizó la selección de los documentos para realizar la discusión y los resultados que aportan datos primarios, además, se excluye artículos de tipo revisión sistemática debido a que consolidan información de estudios primarios y su aporte en este estudio podría generar duplicidad en los hallazgos.

**Tabla 1.** Estrategias de búsqueda.

Parámetros	Especificación
Periodo de búsqueda	2014 - 2024
Base de datos y repositorios	Scopus, ScienceDirect, google scholar, Springer Nature, MDPI y Lectura gris
Terminos de busqueda	“Vinaza” and “metagenomics” and “bioethanol” or “sugarcane” and “recirculation” and “microbial classification”
Tipo de documento	Artículos experimentales, lectura gris. Exclusión: Revisiones sistemáticas
Disciplina	Microbiología
Subdisciplina	Metataxonómica, biotecnología industrial, bioquímica aplicada.
Idiomas	Inglés y español
País	Sin restricciones

Tipo de revisión	Sistemática
Alcance y limitación	Se realiza una estrategia PICO

### 3.2. Elegibilidad

En las estrategias de búsqueda se establece los parámetros de alcance y limitación utilizando la estrategia PICO (**Tabla 2**), este punto se podrán definir el problema de la investigación, la intervención que se realizará, estudios que se comparen para finalmente obtener resultados adecuados que generen un contenido adecuado a la información de datos primarios existentes.

**Tabla 2.** Criterios de elegibilidad.

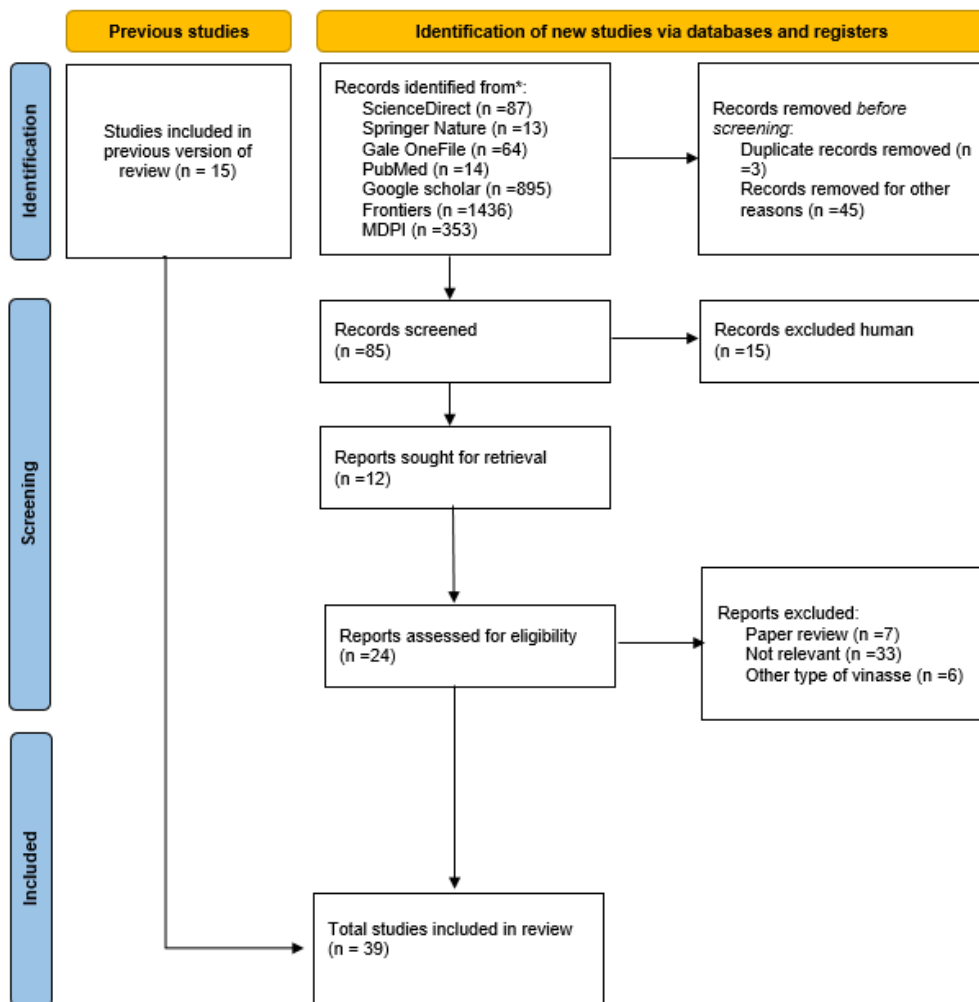
PICO	Criterios de inclusión	Criterios de exclusión
Población	Vinaza de etanol que proviene de <i>Saccharum officinarum</i>	Subproducto del etanol que proceda de materias primas distintas a la <i>S. officinarum</i>
Intervención	Clasificación de la microbiota de la vinaza para sus distintas aplicaciones industriales que utilicen la metagenómica o metataxonomía, y algunos metabolitos reportados en la literatura que permitan relacionar la vida microbiana.	Se excluyen los estudios que solo evalúan los metabolitos presentes en la vinaza, además se excluirá cualquier otro artículo que no se enfoque en la diversidad microbiana.
Comparador	Impacto de la microbiota de la vinaza para la recirculación en los procesos fermentativos y afectación en la microbiota en los suelos fertilizados.	No se evaluará el impacto de la microbiota para otros procesos que no incluyan la fermentación o la fertirrigación.
Resultados	Identificar los grupos microbianos que se encuentren en los cuerpos acuosos y su efecto en la sostenibilidad de los procesos.	Efectos en los ecosistemas que provocan un impacto negativo que no estén relacionados con los suelos utilizados para la agricultura

### 3.3. Selección de estudios

Esta revisión sistemática se realizará para recopilar y analizar datos en la literatura relevante que proporcione una visualización clara y precisa sobre las diferentes comunidades microbianas en la vinaza a partir de la caña de azúcar, para ello se realizó un protocolo PRISMA (**Figura 1**), lo que asegurará la transparencia y la consistencia en el proceso de selección, evaluación y síntesis de los estudios. Algunos artículos no se recuperaron debido a factores determinantes como la dirección del documento, acceso restringido a la información, inexistencia del documento actualmente, sin embargo en la grafica PRISMA no se estima el número ya que estos documento no se tuvieron en cuenta para realizar el listado para la obtención de los datos primarios.

En la identificación se analizaron documentos previos que fueron claves para la introducción al tema explorar, de ahí se definieron el tipo de análisis y los parámetros que se incluyeron para clasificar los documentos,

posteriormente se realizó una exploración en las distintas bases de datos utilizando los blood preestablecidos en el cuadro de búsqueda obteniendo así 2862 resultados, el cual, 85 estudios fueron escogidos inicialmente con la lectura del título y abstract, al realizar la lectura inicial se descartaron 15 documentos que no cumplieran con los requisitos microbiológicos preestablecidos, posteriormente se realizó un análisis de los documentos a profundidad obteniendo un valor de 24 documentos establecidos que contienen información adecuada sobre los taxones microbiológicos y técnicas metagenómicas utilizadas. finalmente se tuvieron en cuenta 39 documentos procedentes de la identificación inicial y la lectura detallada de los documentos.



**Figura 1.** Diagrama de flujo PRISMA del proceso de selección.

De los 39 documentos analizados, se identificó las editoriales que agrupan una cantidad significativa de contribuciones, en el cual se resalta Science Direct con un total de 43,5 % de participación seguido de Springer Nature con 13,04 % de contribución (**Figura 2**).

Contribuciones de editoriales

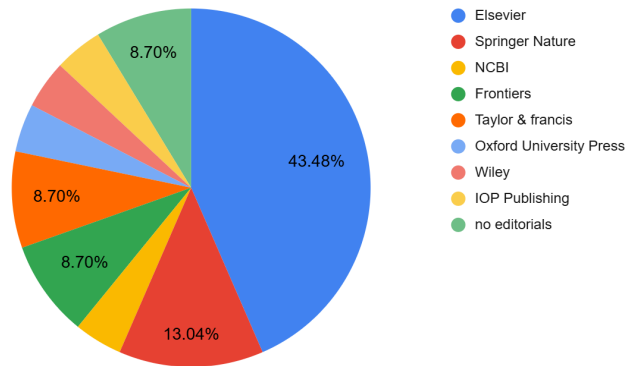


Figura 2. Contribuciones.

Al igual que se determinó el porcentaje de las editoriales que contribuyeron para la realización de esta revisión sistemática, se hizo una distribución de los estudios durante el periodo de búsqueda (Figura 3), aquí se presenta una mayor contribución en el 2022, seguido del 2017, 2023 y 2024, esto nos indica la importancia de actualizar la información sobre las características microbiológicas de la vinaza para futuras investigaciones a nivel mundial.

Estudios por periodo

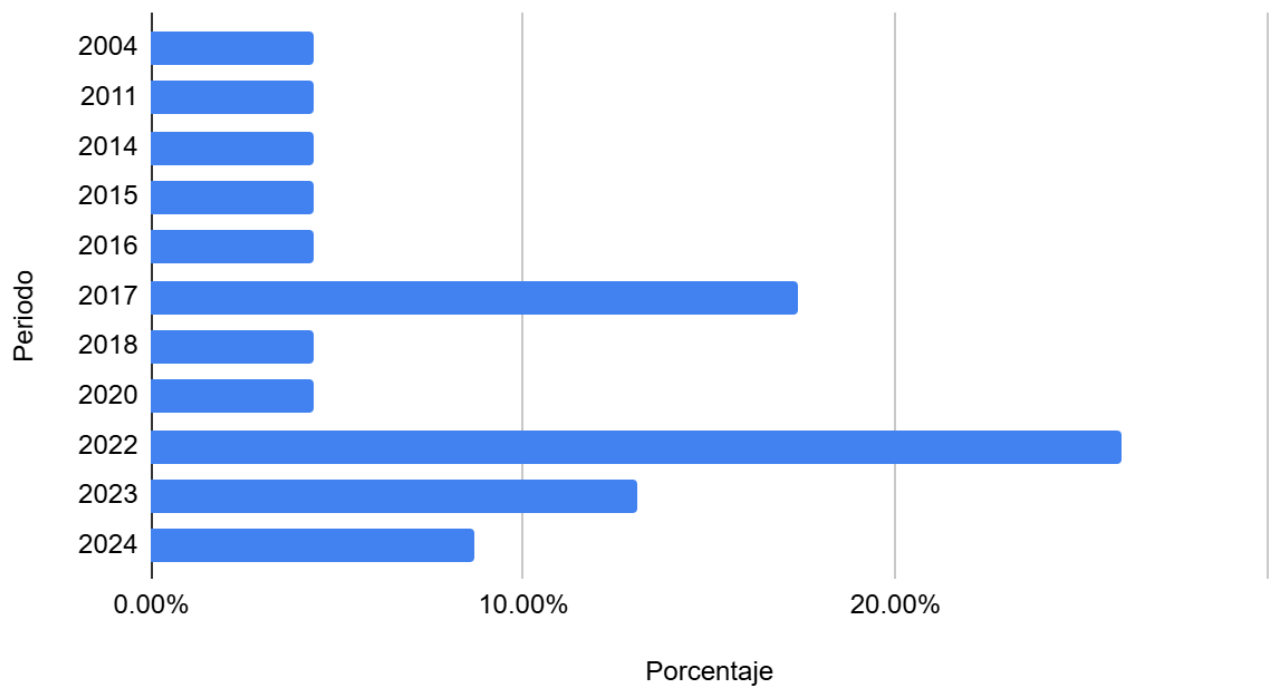
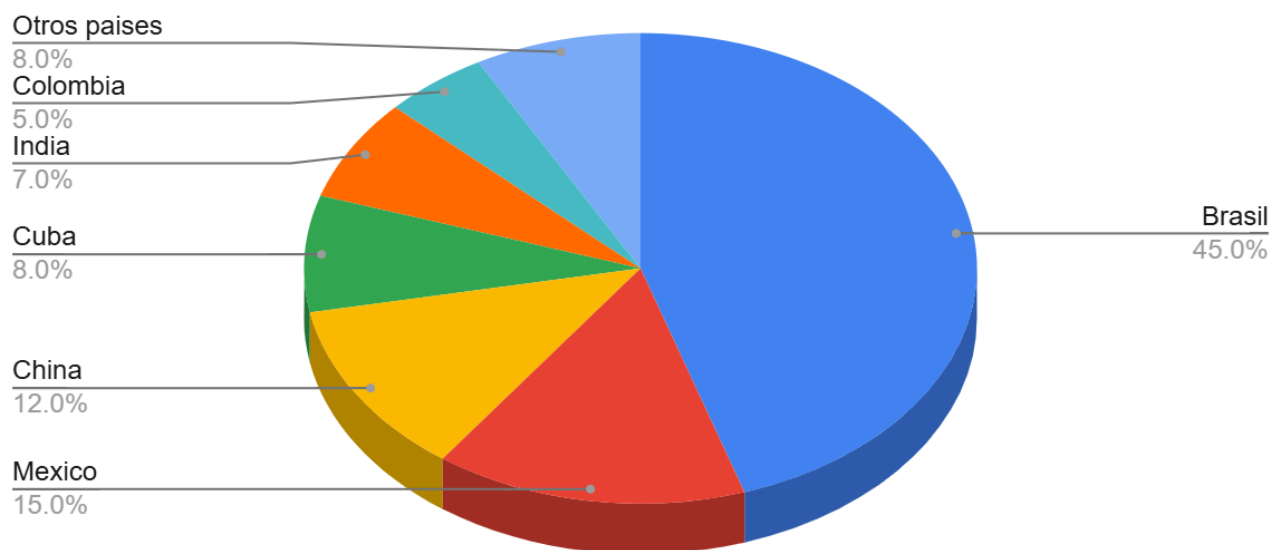


Figura 3. Distribución de estudios durante el periodo de análisis.

Al realizar el análisis de los documentos, se identificó el lugar de origen que se publicó el documento a analizar obteniendo así una contribución del 45% de Brasil, 15 y 12% de México y China respectivamente, 5% de Colombia y 8% de India, esto se debe a la gran impacto de contaminación que abarca los países a los distintos ecosistemas al generar desechos orgánicos como lo es la vinaza, lo que generó un gran interés para determinar soluciones sostenibles y crear la necesidad de la investigación microbiana.

## Estudios relativos de la vinaza



**Figura 4.** Cantidad relativa de estudios relacionados sobre la vinaza de caña de azúcar y la diversidad microbiana.

### 3.4. Alcance de los estudios

Brexó y Sant'Ana (2017), realizaron una clasificación de microorganismos exógenos encontrados en el proceso de fermentación que puede llegar a no ser idóneos para los procesos como las bacterias ácido lácticas (BAL) y las levaduras silvestres debido a la conversión del azúcar en metabolitos no deseado, esto lo que provoca es una disminución en la fermentación alcohólica debido a factores metabólicos que pueden generar este tipo de microorganismos, afectando así el rendimiento etanólico en un 20%. Finalmente nos informa sobre la importancia de los estudios metagenómicos para comprender las comunidades microbianas y sus interacciones, lo que determinará la eficiencia de las levaduras para generar una fermentación adecuada.

Por otro lado, Fuess et al. (2024), realizaron un estudio metagenómico en los cuerpos de vinazas que eran utilizados en la obtención de diferentes metabolitos como lo es el Biohidrogeno ( $\text{BioH}_2$ ), a través de azúcares fermentables y otros compuestos, para la extracción del material genético utilizaron un el kit de extracción FastDNA SPIN para suelo (MP Biomedicals, Irvine, Irvine, CA, EE. UU.) y la secuenciación del amplicón del gen ARNr 16S utilizando un sistema denominado Ion GeneStudio™. finalmente para realizar los análisis de datos utilizaron la plataforma como lo son QIIME 2, el cual les permitió observar la abundancia relativa de taxones de

cada una de las muestras y la Enciclopedias de Kyoto de Genes y Genomas (KEGG), para analizar las predicciones de los perfiles funcionales de los mecanismos metabólico, se estudiaron las rutas de los carbohidratos y glicerol, la producción de hidrógeno y la reducción de sulfato. Adicionalmente las secuencias obtenidas fueron depositadas en el Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI). Los resultados obtenidos en este estudio lograron identificar distintas rutas metabólicas que se encuentran en las vinazas estudiadas, obteniendo rutas como las del lactato, producción de  $\text{BioH}_2$ , reducción de sulfato entre otras. uno de sus hallazgos indica que los microorganismos utilizan unas vías metabólicas con más frecuencia debido a la facilidad de sus enzimas en catalizar algunos azúcares y transformarlos en productos como el glicerol, con esto pudieron concluir que las comunidades microbianas son determinadas por las condiciones de operación de cada planta industrial.

Cassman et al. (2018), estudio con más impacto en la metagenómica relacionada con la vinaza, este artículo proporciona información crucial para la clasificación metagenómica y taxones de los cuerpos de vinaza utilizadas en los procesos de fertirrigación y en la recirculación del subproducto a los tanques de fermentación. También se mencionan los problemas que generan las bacterias al encontrarse en los cuerpos acuosos de vinazas, se identificaron diversos tipos de microorganismos identificando géneros que compiten por el sustrato frente a las levaduras que realizan el proceso de fermentación alcohólica. Para ejecutar la metodología se enfocaron en una planta de bioetanol de la región de Piracicaba en Brasil obteniendo 6 muestras de vinazas posterior a su destilación, significativas para la clasificación taxonómica. para la extracción se realizó a través de un Kit comercial y a través de la plataforma MiSeq Illumina se secuenció 18 metagenomas. De Acuerdo con el estudio para obtener abundancia molecular se procedió a realizar qPCR (reacción de cadena de la polimerasa cuantitativa), lo que permitió especificidad en el ADN extraído para realizar análisis de metadatos. Para el procesamiento informático se utilizaron plataformas como FastQC para evaluar la calidad de los datos de secuenciación sin procesar con el fin de eliminar sesgos que puedan afectar en las lecturas de las secuencias obtenidas, PRINSEQ para la filtración de las secuencias y MetaFAST para determinar la distancia de las secuencias de los metagenomas directamente, utilizando el ensamblaje parcial de Bruijn ensambladas. En la sección taxonómica se perfiló los metagenomas con MG-RAST, RefSeq y se verificó la abundancia a nivel taxonómico utilizando ANOVA, Para determinar la funcionalidad de los metagenomas la plataforma metaphlan2 y humann2, para identificar taxones que MG-RAST no tendría y adicionalmente identificar la funcionalidad de algunos genes a nivel metabólico, para ello se utilizaron cladogramas realizados por Graphplan. Finalmente para el ensamble de los datos utilizaron distintas herramientas como lo son metaSPADES, Metabat y MaxBin2, al igual que KEGG (Enciclopedia de genes y genoma de kioto) se encontraron resultados de interacciones metabólicas para generar compuestos de interés como lo son el acetato, lactosa, peroxido de hidrogeno entre otros. Estos hallazgos nos permiten identificar los metabolitos que sintetizan algunos microorganismos que cohabitan en las vinazas lo que podría generar complicaciones al momento de separar los compuestos no idóneos a la producción de bioetanol. Finalmente el estudio se enfocó en la caracterización taxonómica y funciones potenciales de la vinaza, utilizando las herramientas metagenómicas.

De igual forma, Lv et al. (2022), utilizando la metagenómica en los análisis de la vinaza en China, se realizó una exploración a la diversidad microbiana y los genes que codificaban a enzimas que involucra la captación y transformación de azúcares, para ello utilizaron dos bases de datos, estas fueron eggNOG (ortólogos no supervisados), esta base de datos lo que permitió fue identificar genes similares que estén directamente relacionados biológicamente y KEGG, la cual fue utilizada para identificar vías metabólicas y sustancias químicas que se pudieran identificar en la vinaza. Los resultados obtenidos indicaron 194 genes que codifican enzimas que pueden transformar los azúcares en intermediarios glucolíticos, aldehídos, acetil-esterasa, entre otras. De Acuerdo con la búsqueda bioinformática, lograron identificar 63 filos, 782 géneros y 2609 microorganismos, dentro de los filos con mayor dominancia en el material genético están *Firmicutes*, *proteobacteria*, *Ascomycota*. por otro lado los análisis metabólicos indicaron la presencia de transportes de azúcares como lo son el manitol, la fructosa, la manosa, lactosa y la sacarosa que se trasladan a la célula a través del sistema de fosfotransferasa (PTS). Con este estudio lo que indica es la presencia de enzimas capaces de metabolizar azúcares en compuestos que son distintos al bioetanol, lo que puede generar una mezcla de

compuestos, lo que difiere a elevados costos de separación de componentes y la identificación de microorganismos diferentes a las levaduras fermentadoras.

Beckner et al. (2011), analizó el impacto de la contaminación microbiana en las fermentaciones del bioetanol, comparando estudios con los microorganismos que se pueden cultivar y son contaminantes en la industria etanólica, como lo puede ser las BAL, y levaduras silvestres, es decir, levaduras que no se han inoculado desde el laboratorio para la elaboración del bioetanol o en otras palabras, levaduras que no son *Saccharomyce cerevisiae*, en este caso se han estudiado cómo puede afectar los metabolismos y la competición por el sustrato a las levaduras fermentadoras. En el estudio identificaron que la presencia de BAL son responsables del descenso a la producción de etanol y de igual forma contaminar el mosto de fermentación, la generación de ácido láctico de las bacterias provocó una disminución de la viabilidad celular de las levaduras en un 83% debido a que esta sustancia al estar en un estado no disociado ingresaba a la membrana celular liberando hidrógeno al citoplasma y acidificando a las levaduras e inhibiendo las enzimas encargadas de sintetizar la fermentación alcohólica. De igual manera los autores discuten sobre posibles soluciones como la implementación de antibióticos y antifúngicos que podrían cubrir las necesidades de limpieza cuando existe una contaminación reduciendo costos de desinfección y paros de la planta que pueden ser pérdidas económicas de gran impacto en las industrias dedicadas a la destilación alcohólica.

Cipriano et al. (2019), realizó un análisis genético sobre las comunidades microbianas que se pueden cultivar con medios preestablecidos y las que no tienen la capacidad de crecer en este tipo de medios de cultivo que están presentes en las vinazas concentradas y las que no están concentradas, la extracción del material genético utilizando los métodos modernos se realizó a través de un Kit comercial especializado para suelos y posteriormente se amplificaron a través de la secuencia de ARNr 16S. Adicionalmente se realizaron pruebas convencionales para determinar la microbiota que a través de pruebas bioquímicas se pueden identificar el tipo de género que es el microorganismo a estudiar para ello realizaron pruebas de la microbiota cultivable utilizando medios como MRS y pruebas API para identificar los microorganismos presentes. Se concluye una reducción de las comunidades microbianas al momento de concentrar la vinaza, obteniendo así un dominio significativo en el filo *Firmicutes* con un porcentaje de abundancia genética del 95% específicos para los dos tipos de vinaza estudiados. Finalmente se destacan algunas vías de desnitrificación que pueden ser utilizadas para el aprovechamiento en las industrias fertilizantes para generar abonos más fértiles y con mayor enriquecimiento microbiológico que permite reducir los impactos químicos que tiene el suelo por el exceso de productos pesticidas.

De la información anterior y con los respectivos análisis de la literatura se realizaron 2 tablas donde se exponen los microorganismos hallados en las vinazas provenientes de caña de azúcar (**Tabla 3**) y la identificación de los metabolitos y subproductos que se encuentran en el medio acuoso (**Tabla 4**), esta información lo que permite es identificar y contribuir con una base de datos primarios a las características microbiológicas que tienen la vinaza y con ello dar paso a las investigaciones que posteriormente puedan ser de gran impacto a las industrias que generan este tipo de subproductos.

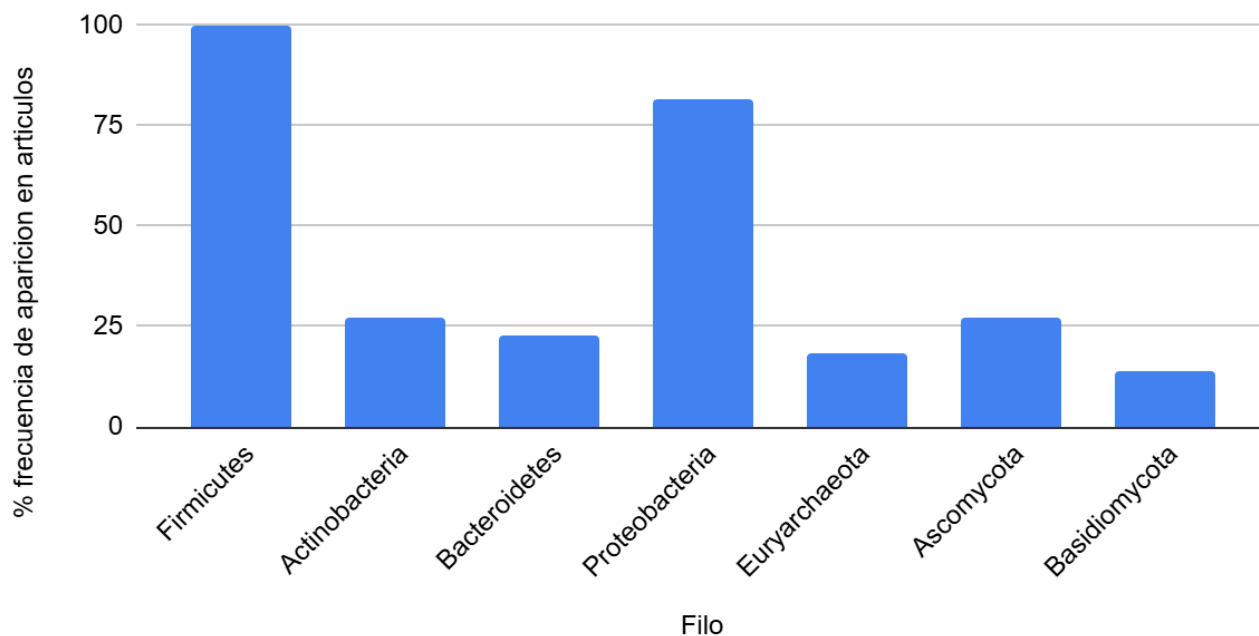
**Tabla 3.** Clasificación microbiana encontrada en la literatura

Grupo	Filo	Género	Autores
	Firmicutes	Lactobacillus	Beckner et al., 2011; Costa et al., 2014; Brexó & Sant'Ana, 2017; Cassman et al., 2018; Cipriano et al., 2019; De
		Leuconostoc	
		Enterococcus	

<b>Bacterias</b>		Bacillus	Siqueira et al., 2022; LV et al., 2022; Fuess et al., 2024, Mota et al., 2024
		Caproiciproducens	
		Desulfohalotomaculum	
		Desulfotomaculum	
		Clostridium	
		Megasphaera	
		Mitsuokella	
		Thermoanaerobacterium	
		Pediococcus	
		Olsenella	
	Actinobacteria	Bifidobacterium	
		Brevibacterium	
		Fonticella	
	Bacteroidetes	Prevotella	
		Dysgonomonas	
		Bacteroides	
	Proteobacteria	Burkholderia	
		Klebsiella	
		Pseudomonas	
		Gluconacetobacter	
Acetobacter			
Comamonas			
Arcobacter			
Alcaligenes			
Euryarchaeota	Methanobrevibacter		
<b>Moho o Levaduras</b>	Ascomycota	Aspergillus	
		Dekkera	
		Candida	
		Pichia	
		Monascus	
		Saccharomyces	
	Basidiomycota	Penicillium	

Al incorporar la información microbiana de las vinazas de caña de azúcar, en la **Figura 5** se pudo determinar una frecuencia de microorganismos contaminantes en los cuerpos acuosos, dando así una frecuencia del 100% al filo firmicutes en los estudios seleccionados y un 82 % del filo proteobacterias, esta información lo que indica una prevalencia en la contaminación microbiana en estas vinazas, lo que es desfavorable para la reutilización como sustrato para el mosto de fermentación.

### Frecuencia de aparición de filos microbianos en estudios sobre vinaza de caña de azúcar



**Figura 5.** Frecuencia relativa (%) de los filos microbianos reportados en los estudios analizados sobre vinaza a partir de Caña de azúcar.

**Tabla 4.** Identificación de los metabolitos producidos por comunidades microbianas presentes en la vinaza.

Tipo de metabolismo	descripción	microorganismos involucrados	productos generados	referencias
Fermentación Piruvato	Conversión del piruvato en energía	Lysinibacillus fusiformis	Piruvato, ácido láctico	Beckner et al., 2011; Cassman et al., 2018;
Fermentación Láctica	Conversión de azúcares en ácido láctico	Lactobacillus, Enterococcus	Ácido láctico y acético	Cipriano et al., 2019; De Siqueira et al., 2022; LV., et al 2022; Mota et
Fermentación Acética	Conversión de azúcares en ácido acético	Acetobacter, Gluconobacter	Ácido acético y glucónico	
Fermentación	Conversión de azúcares en	Saccharomyces	Etanol, Dióxido	

etanólica	etanol	cerevisiae, Zymomonas mobilis	de carbono	al., 2024
Fermentación Propiónica	conversión de azúcares en ácido propiónico	Propionibacterium	Ácido propiónico y acético.	
Fermentación Butírica	Conversion de azucares en acido butirico	Clostridium	Ácido butírico, acético y cítrico	
Fermentación succínica	Conversión de azúcares en ácido succínico	Actinobacillus succinogenes	Acido succinico	
Descomposición de compuestos orgánicos	Descomposición de azúcares y otros compuestos orgánicos complejos en forma más simple.	microorganismos descomponedores (Bacterias celulolíticas)	Azúcares simples, productos fermentables.	
Metabolismo de la nitrificación	Conversión de amoniaco en nitratos, crucial en el ciclo del nitrógeno	Bacterias nitrificantes (Nitrosomonas)	Nitratos	
Metabolismo de desnitrificación	Conversión de nitratos a nitrógeno gaseoso, contribuyendo al ciclo del nitrógeno y reducción de la contaminación por nitratos.	Bacterias desnitrificante (Pseudomonas)	Nitrógeno gaseoso (N <sub>2</sub> )	
Metabolización de arginina	Conversión de arginina a productos relacionados con el ciclo del nitrógeno	Lactobacillus	Nitrito, Urea, derivados nitrogenados.	
Metabolismo de acetato	El acetato es utilizado por algunos microorganismos como fuente de carbono para el crecimiento y producción de otros metabolismos.	Acetobacter	Acetato, productos derivados	
Reducción de azúcares	Fermentación de azúcares complejos para generar ácidos orgánicos y alcoholes	Diversos microorganismos fermentadores		
Metabolismo de sacarosa	Conversión de sacarosa en glucosa y fructosa, a menudo utilizada por bacterias lácticas	Lactobacillus	Ácido láctico	
Metabolismo del malato	conversión del malato en otros compuestos mediante fermentación	Lactobacillus	Ácido láctico, acético y CO <sub>2</sub>	
Metabolismo del oxalato	Conversión del oxalato en compuestos menos tóxicos o en	Pseudomonas, Bacillus	Formiato, CO <sub>2</sub>	

	fFuente de carbono			
Metabolismo del glicerol	Conversi3n del glicerol en compuestos energ3ticos o fermentativos	Klebsiella, Clostridium, Saccharomyces, Pseudomonas	Etanol, 1,3-propanodiol, dihidroxiacetona	
Metabolismo del sulfato	Reducci3n o utilizaci3n del sulfato en procesos anaerobios	Desulfohalotomaculum, Desulfotomaculum, Clostridium	Sulfuro, sulfitos y azufre	
Metabolismo lip3dico y de 3cidos grasos.	Utilizaci3n de 3cidos grasos presentes en residuos org3nicos, generando 3cidos grasos vol3tiles y otros compuestos	Microorganismos con capacidad lipol3tica.	3cidos grasos vol3tiles, 3cidos grasos saturados y no saturados	

### 3. DISCUSI3N

De acuerdo con la recopilaci3n de datos de los distintos estudios previos a este y a las tablas generadas en el estudio, se realiz3 la identificaci3n taxon3mica a nivel de filo y g3nero que se resaltan en los diferentes estudios, adem3s de los tipos de metabolismos que se encuentran en la vinaza posterior a la destilaci3n etan3lica, estos an3lisis lo que permitieron fue comprender un poco m3s sobre las comunidades microbianas y c3mo estas pueden afectar los procesos fermentativos provocando as3 una afectaci3n en los rendimientos de fermentaci3n, pureza y econom3a sostenible, finalmente en la discusi3n se destac3 los objetivos planteados anteriormente para identificar la vida microbiana que se encuentra reportada en la literatura y cuales son las perspectivas con relaci3n a la clasificaci3n de estas comunidades microbianas de estos cuerpos acuosos de vinaza.

Inicialmente se realiz3 un an3lisis exhaustivo de distintas plataformas cient3ficas que permitieron obtener la informaci3n requerida para este art3culo, para esto se plante3 realizar una estrategia PRISMA que nos aport3 las bases necesarias para obtener la informaci3n ver3dica y pertinente, de igual forma este proceso nos permiti3 descartar art3culos que no estaban relacionados con la clasificaci3n microbiana de los cuerpos acuosos de vinaza a partir de la ca3a de az3car, obteniendo un total de 39 art3culos que se incluyeron para esta revisi3n sistematizada, los metabolitos encontrados en las vinazas post fermentaci3n y las comunidades microbianas presentes (Page et al., 2021).

La vinaza, como se mencion3 anteriormente, es un subproducto de la destilaci3n alcoh3lica con una alta carga org3nica, compuesta por diversos elementos, como potasio, cobre, zinc, hierro, material bioqu3mico, compuestos fen3licos y otros s3lidos disueltos. Estas caracter3sticas hacen que este efluente tenga un elevado potencial contaminante para los cuerpos de agua y, al mismo tiempo, representa un recurso poco explotado debido al desconocimiento sobre su aprovechamiento (Patricia et al.2025). Entre sus propiedades fisicoqu3micas m3s relevantes, se ha determinado que la vinaza presenta un pH 3cido, en un rango de 4 a 6. Este par3metro sugiere que el efluente posee una alta concentraci3n de iones de hidr3geno, lo que contribuye tanto a la conductividad el3ctrica como a la acidificaci3n del medio (De Siqueira et al., 2022). Por otro lado, Patricia et al., (2025) evalu3 la relaci3n DBO/DQO, obteniendo un valor del 45%, lo que indica que la materia org3nica presente es biodegradable por reacciones bioqu3micas. Esto sugiere que se pueden aplicar m3todos de tratamiento para reutilizar este subproducto en los suelos sin generar un impacto ambiental significativo (Alves et al., 2015; S3nchez & Gualoto, 2018).

Los resultados obtenidos (**Tabla 3**) evidencian la presencia de una diversidad de microorganismos en los cuerpos de la vinaza. Esto indica que el proceso de fermentación requiere un control estricto, ya que cualquier alteración en las condiciones puede generar pérdidas en la producción de etanol. Al analizar el proceso de fermentación y el uso de recursos fermentables de origen secundario, se observa que estos no pasan por un proceso de esterilización antes de ingresar a los tanques de fermentación. Esta falta de control sanitario puede favorecer la contaminación por distintos géneros microbianos (Pabón Serrano, 2020). En la **Figura 5** se observó una frecuencia mayor en los filos *Firmicute* y *Proteobacteria*, esto se debe a la capacidad de muchas bacterias pertenecientes a estos grupos para sobrevivir en condiciones ambientales adversas, gracias a su habilidad para fermentar diversos sustratos orgánicos y la formación de esporas (Costa O. et al., 2015; Cipriano et al., 2019). La esporulación les confiere una notable resistencia al calor, lo que se relaciona con la expresión de genes específicos que codifican proteínas involucradas en este proceso cuando detectan cambios en las condiciones ambientales (Galperín, 2013).

Por otro lado, Cassman et al. (2018) proporcionan indicios sobre el origen de algunos microorganismos presentes en la vinaza, señalando que su contenido nutricional puede influir en la proliferación bacteriana, la diversidad y la densidad de estos microorganismos. Como se muestra en la **Tabla 3**, mediante herramientas moleculares se han detectado diversos géneros microbianos, destacando *Lactobacillus*, perteneciente al filo *Firmicutes*. Este género bacteriano ha sido ampliamente estudiado debido a su ubicuidad y sus múltiples aplicaciones en la industria, además de su capacidad para tolerar ambientes con pH ácido (Costa et al., 2024). Además de *Lactobacillus*, se han identificado otros géneros bacterianos como *Bifidobacterium*, *Olsenella* (*Actinobacteria*), *Dysgonomonas*, *prevotella* (*Bacteroidota*), *Arcobacter* (*Campylobacterota*), *Bacillus*, *Clostridium*, *Megasphaera*, *Mitsuokella* (*Firmicutes*), *Acetobacter*, *Comamonas*, *Gluconacetobacter*, *Pseudomonas*, *Alcaligenes* (*Proteobacteria*). Estos géneros presentan una diversidad funcional relevante, ya que algunos de ellos participan en procesos de fermentación, producción de ácidos orgánicos o degradación de compuestos complejos, lo cual pueden influir en la dinámica microbiana de la vinaza y en la eficiencia de los procesos industriales asociados (Lv et al., 2022). Si bien *Lactobacillus* es reconocido en la industria alimentaria por su importancia como probióticos (Vighate, 2024), en la industria sucroalcohólica este género microbiano puede representar un problema si llega a proliferar en los mostos de fermentación. Esto se debe a su capacidad para fermentar azúcares y producir metabolitos indeseados, como el ácido láctico y el ácido acético, los cuales pueden inhibir la actividad fermentativa de las levaduras (Cassman et al., 2018). El mecanismo de inhibición ocurre cuando estos ácidos orgánicos ingresan al citoplasma celular en su forma no disociada, liberando iones de hidrógeno que reducen el pH intracelular. Esta acidificación puede provocar la desnaturalización de enzimas clave en la conversión de azúcares en alcohol, afectando la eficiencia del proceso fermentativo (Beckner et al., 2011).

Asimismo, dentro de los microorganismos estudiados, se destaca la presencia de levaduras silvestres del género *Dekkera*. Este tipo de levaduras puede generar pérdidas en el rendimiento de etanol de hasta un 1%, lo que impacta negativamente en la economía del proceso (Muthaiyan et al., 2010). *Dekkera bruxellensis*, en particular, actúa como un contaminante relevante al competir con *Saccharomyces cerevisiae*, la levadura principal utilizada en la fermentación. Aunque presenta una capacidad fermentativa menor, posee una notable adaptabilidad al ambiente industrial, incluyendo tolerancia al etanol, capacidad de asimilar nitrato como fuente de nitrógeno y resistencia a ciertas condiciones de estrés. Estas características le otorgan ventajas competitivas que favorecen su establecimiento y persistencia en el sistema. Además, se ha demostrado que esta levadura puede ingresar al proceso junto con la caña de azúcar desde el campo, acumularse en el agua de lavado y recircular mediante el uso de vinaza para fertirrigación, estableciendo así un ciclo continuo de inoculación (da Silva et al., 2016). Un factor determinante al detectar altas concentraciones de *Dekkera* es el cambio en la composición de la población de levaduras dentro de los mostos de fermentación, lo que conlleva pérdidas de tiempo y un aumento económico en los procedimientos de limpieza y desinfección (Beckner et al., 2011). Uno de los mecanismos que favorece la proliferación de *Dekkera* es su capacidad para asimilar etanol como fuente de carbono, lo que representa un desafío adicional para el proceso fermentativo. Además de *Dekkera*, se han identificado otros géneros de levaduras y mohos que pueden influir en la dinámica microbiana de los mostos de fermentación, como *Candida*, *Pichia*, *Monascus*, *Aspergillus* y *Penicillium*. Estos microorganismos pueden alterar la eficiencia del proceso debido a su capacidad para competir por nutrientes esenciales y generar metabolitos

secundarios que afectan la actividad de las levaduras productoras de etanol como lo es *Saccharomyces* (Carrilho y Soares, 2024A). De acuerdo con la literatura, tanto las levaduras silvestres como las BAL son problemáticas en la industria sucroalcoholera, ya que su presencia en los mostos de vinaza puede ocasionar pérdidas en la producción de bioetanol de entre el 2% y el 22%. No obstante, existen diversas estrategias para la eliminación de estos contaminantes biológicos, que incluyen el uso de antibióticos, métodos mecánicos como la radiación ionizante y aplicación de bactericidas que a diferencia de los antibióticos este método tiene un amplio espectro para eliminar microorganismos de una manera agresiva e inespecíficos, entre otros (Hoff et al., 2021A; Kaliniski et al., 2021A; Douradinho et al., 2024A). Sin embargo, algunas de estas técnicas presentan limitaciones que se deben tomar en consideración antes de ser utilizadas en los procesos de inhibición microbiana, en el caso de la radiación ionizante es efectiva para eliminar microorganismos, pero de igual forma puede inducir a la formación de compuestos orgánicos no deseados, como radicales libres, aldehídos (formaldehído o acetaldehído), cetonas y derivados clorados, lo que conlleva a la toxicidad de la vinaza e interferir de manera negativa a las levaduras fermentadoras de etanol, por esta razón se debe llevar un control riguroso al momento de utilizar esta técnica (Alcarde et al., 2023). Por otro lado, las estrategias químicas presentan limitaciones, ya que los microorganismos pueden desarrollar resistencia a estos mecanismos de control. Por ello, se requiere una búsqueda constante de métodos alternativos que permitan erradicar la contaminación microbiana sin afectar a la actividad fermentativa de las levaduras productoras de etanol (Cassman et al., 2018).

Si bien algunos microorganismos son estudiados utilizando métodos convencionales de cultivo, una gran parte de la diversidad microbiana presente en la vinaza no es cultivable mediante los medios preseleccionados, es decir, aquellos medios estándar comúnmente utilizados en la microbiología, como PCA, MRS o YDP. Esta limitación se debe a que muchos de los microorganismos presentes en este ambiente requieren condiciones muy específicas de crecimiento o dependen de interacciones complejas con otras especies en su entorno natural. En este contexto, las técnicas moleculares, como la metagenómica, secuenciación de regiones ITS fúngica y la secuenciación del gen 16S rRNA, estas herramientas han sido de gran importancia para la identificación de algunos microorganismos adyacentes en las vinazas que no se pueden cultivar en los medios convencionales, al igual de utilizar estas técnicas para la identificación de especies, metabolitos, permitiendo una caracterización más completa de las comunidades microbianas y su papel en el proceso fermentativo (Costa et al., 2014).

Entre los microorganismos de la **Tabla 3** que se han registrado, se destacan algunos géneros con la particularidad de no tener un crecimiento adecuado debido a los nutrientes que requieren para coexistir en la comunidad microbiana de las distintas vinazas que se estudiaron, entre estos microorganismos se encuentran *Caproiciproducens*, *Desulfohalotomaculum*, *Desulfotomaculum*, *Dysgonomonas*, *Fonticella*, *Methanobrevibacter* y *Olsenella*. Estos microorganismos han sido reportados en diversas vinazas que posteriormente se han utilizado en procesos como la fertilización, la digestión anaerobia y la reducción de azufre (Fuess et al., 2022a). Debido a que estos organismos suelen requerir condiciones específicas, como ciertos niveles de oxígeno, pH, temperatura o nutrientes poco abundantes, su estudio mediante métodos convencionales resulta complicado, por lo que se recurre a técnicas moleculares para su análisis (De Barros et al., 2017). Cassman et al. (2018), reportaron la presencia de genes asociados a *Methanobrevibacter* en vinazas provenientes de Brasil. Este género microbiano pertenece al dominio de las arqueas y puede encontrarse en los intestinos de vertebrados que consumen subproductos de la fermentación bacteriana. Esta relación sugiere que los productos secundarios generados por algunos microorganismos presentes en la vinaza podrían favorecer el crecimiento de este género microbiano en algunas vinazas.

Por otro lado, se han realizado investigaciones sobre los metabolismos presentes en la vinaza y sus diferentes aplicaciones. En la **Tabla 4** se presenta una clasificación de los compuestos generados por los microorganismos, junto con una descripción de los géneros microbianos asociados a cada uno de ellos. Este análisis es fundamental para comprender cómo la actividad metabólica influye en la calidad de la vinaza y su potencial en aplicaciones industriales y agronómicas (Cassman et al., 2018). La vinaza contiene diversos metabolitos, como células, lípidos y sustancias ácidas, que pueden ser cruciales o beneficiosos según su uso específico (Costa et al., 2014). Diferentes estudios han explorado los tipos de metabolismos presentes en la

vinaza con el objetivo de obtener subproductos de alto valor económico. La variabilidad de los metabolitos reportados y en los tipos de fermentación que los generan se debe a factores como las condiciones ambientales, el enfoque de los estudios y la diversidad de las comunidades microbiológicas analizadas (Beckner et al., 2011; Cassman et al., 2018; Cipriano et al., 2019; Sánchez et al., 2020; Siqueira et al., 2022). Aquí, se identifican distintos metabolismos descritos en la literatura científica, junto con los microorganismos responsables de su desarrollo, lo que permite una mejor comprensión de los procesos microbianos en la transformación de la vinaza para sus diferentes usos.

Las herramientas metagenómicas y metatranscriptómica no solo permiten la identificación de los microorganismos, sino que permiten identificar genes que están involucrados con la síntesis de enzimas, esto lo que permite es que a través de diferentes plataformas bioinformáticas como lo es KEGG, se puedan clasificar los metabolitos secundarios que se pueden generar en pequeñas proporciones como lo puede ser algunos compuestos de carbohidratos, malato, oxalato, glicerol y sulfato como se aprecia en la **Tabla 4**, estos compuestos han sido identificados por las distintas transcripciones de algunos genes que se involucran los microorganismos, lo que permite distinguir los diferentes componentes de las vinazas obtenidas (Achudhan et al., 2023; Mota et al., 2024), algunos otros compuestos clasificados e identificados son acetato, etanol, manitol, celulosa, peróxido de hidrógeno, lactosa, sacarosa, ácido butírico y ácidos grasos 3-hidroxi. estos metabolitos se destacan por ser generado por algunas bacterias provenientes de la vinaza que al recircular en los procesos de fermentación alcohólica pueden ocasionar un bajo rendimiento del compuesto de interés que es el bioetanol (Cassman et al., 2018; Cenicaña, 2019; Lv et al., 2022). Los compuestos que se identificaron en la **Tabla 4** no solo representan metabolitos generados por microorganismos, esta información lo que indica es la interacción microbiana y los grupos microbianos existentes en las vinazas, es decir, la inclusión de estos compuestos en el análisis resulta de gran importancia, ya que su presencia permite identificar la actividad metabólica existente y con ello la actividad enzimática de grupos microbianos que tienen la capacidad de generar estos productos, la proliferación de estos compuestos en las vinazas se debe a diferentes condiciones ambientales que favorecen la acumulación de estas sustancias (Hoff et al., 2021B; Kalinski et al., 2021).

En el contexto de la producción de etanol, estos compuestos pueden representar desafíos significativos para la sostenibilidad del proceso sucroalcohólico. Metabolitos como el acetato, el ácido butírico y los ácidos grasos 3-hidroxi pueden actuar como inhibidores de la levadura fermentativa, afectando de manera negativa a la eficiencia de fermentación (Carrilho y soares, 2024B; Douradinho et al., 2024B). Del mismo modo, la cogeneración de peróxido de hidrógeno por bacterias puede inducir a un estrés oxidativo sobre las levaduras, comprometiendo la viabilidad en los procesos industriales (Kalinski et al., 2021). Por otro lado, la presencia de azúcares residuales como lactosa y sacarosa, así como de polímeros celulósicos pueden favorecer el crecimiento de levaduras silvestres o bacterias como las BAL, generando problemas en la eficiencia del proceso y disminuyendo la productividad de etanol (Hoff et al., 2021B). A estos desafíos de la sostenibilidad se le adiciona la presencia de alcoholes como el etanol y el manitol, que además de ser productos de fermentaciones paralelas, pueden indicar una pérdida en la destilación alcohólica, interfiriendo tanto en la recuperación del etanol como en el uso posterior de este residuo en prácticas agrícolas como la fertirrigación (Douradinho et al., 2024B). En consecuencia, la caracterización de estos compuestos no solo aporta a la comprensión de la diversidad y actividad microbiana en la vinaza, sino que también da paso a la observación de los retos técnicos y ambientales que enfrentan las industrias sucroalcoholeras para mantener la eficiencia productiva y avanzar hacia una gestión más sostenible de sus residuos.

Los diferentes estudios relacionados con la identificación de los microorganismos y la clasificación de los metabolitos presentes es crucial para determinar el uso adecuado de este subproducto de las industrias sucroalcoholeras, en este podemos encontrar una información sobre la diversidad microbiana, el cual puede ser utilizada para identificar contaminantes biológicos y metabolitos que pueden ser utilizados para investigación y obtención de nuevos productos de interés comercial. Sin embargo la información relevante para este estudio ha sido reducida debido a los estudios realizados y la composición microbiana que es muy compleja y versátil en los diferentes reportes, esto puede ser por el tipo de temperatura, la composición microbiana de la caña de azúcar, ambientes en el que se encuentre en cada país, por eso es necesario ampliar la información metagenómica y metatranscriptómica para detallar los hallazgos y observar microorganismos similares en la

vinaza que puedan ser utilizados en la industria para minimizar impactos ambientales y obtener productos de alto valor comercial.

#### **4. CONCLUSIONES**

El estudio de la diversidad microbiana en la vinaza de caña de azúcar ha despertado un gran interés debido a su impacto en los procesos industriales y ambientales asociados a la producción de etanol. El cual, a partir de la literatura se analizó e identificó una comunidad diversificada con la capacidad de metabolizar compuestos presentes en la vinaza, generando diferentes enzimas y transformándolos en ácidos orgánicos u otros metabolitos de interés. Entre los grupos microbianos más representativos se encuentran géneros como *Lactobacillus*, *Leuconostoc*, *Bacillus Dekkera*. Estos organismos desempeñan un papel crucial en la fermentación y la generación de metabolitos que pueden influir en la eficiencia del proceso de producción de etanol. Asimismo, se ha identificado microorganismos capaz de reducir y utilizar sulfatos en condiciones anaerobias como *Desulfotomaculum*, lo que permite convertir sulfatos y sulfitos en sulfuro, provocando un impacto positivo para la reducción de contaminantes en cuerpos acuosos.

Finalmente esta recopilación de datos permiten sistematizar el conocimiento de los microorganismos presentes en la vinaza, sin embargo la información recopilada nos indica la necesidad de ampliar los estudios cuantitativos y cualitativos sobre la diversidad de los microorganismos, considerando que las diferentes industrias que generan dicho residuo puede ser afectadas por los ambientes hostiles de su entorno generando cambios en su comunidad, por consiguiente, se recomienda el uso de herramientas como la metagenómica y metatranscriptomics que permitan caracterizar no solo las comunidades microbianas, sino que también los metabolitos y su relación con la eficiencia de los procesos fermentativos para comprender las pérdidas de rendimiento generadas por factores biológicos.

#### **5. AGRADECIMIENTOS**

En torno a este trabajo de grado, doy agradecimientos a las personas que siempre estuvieron apoyándome en cada momento de la etapa universitaria, a mi madre por siempre estar presente en cada momento crítico en torno a la finalización de la carrera, a mis maestros académicos y laborales. Agradezco el acompañamiento que me ofreció el doctor Jose Fernando Oñate, para finalizar este requisito de grado y finalmente agradezco desde la parte espiritual a Dios y el Universo por permitirme estar en el lugar y el momento indicado en cada acción que tome.

#### **6. DECLARACIÓN DEL USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL**

El autor declara que no utilizó las herramientas IA para la elaboración del manuscrito, el cual, a través de la lectura de artículos científicos y la expresión de las ideas, se logró redactar el documento sin la necesidad de estas herramientas.

#### **7. CONFLICTO DE INTERESES**

El autor declara que no tienen conflicto de intereses a la fecha que se entrega el documento.

#### **8. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

Achudhan, A. B., Kannan, P., Gupta, A., et al. (2023). Una revisión de las plataformas de metagenómica basadas en la web para analizar los datos de secuencias de próxima generación. *Biochem Genet.* <https://doi.org/10.1007/s10528-023-10467-w>

- Alcarde, A. R., Walder, J. M. M., & Horii, J. (2023). Wort disinfection treatment with electron beam for bioethanol production. *Scientia Agricola*, 80, e20210260. <https://doi.org/10.1590/1678-992X-2021-0260>
- Alves, P. R. L., Natal-da-Luz, T., Sousa, J. P., & Cardoso, E. J. B. N. (2015). Ecotoxicological characterization of sugarcane vinasses when applied to tropical soils. *Science of the Total Environment*, 526, 222–232. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.03.150>
- Beckner, M., Ivey, M. L., & Phister, T. G. (2011). Microbial contamination of fuel ethanol fermentations. *Letters in Applied Microbiology*, 53(4), 387–394. <https://doi.org/10.1111/j.1472-765X.2011.03124.x>
- Bhatt, R., Meena, R. S., & Hossain, A. (2022). Input use efficiency for food and environmental security. In *Input Use Efficiency for Food and Environmental Security*. <https://doi.org/10.1007/978-981-16-5199-1>
- Białas, W., Szymanowska, D., & Grajek, W. (2010). Fuel ethanol production from granular corn starch using *Saccharomyces cerevisiae* in a long-term repeated SSF process with full stillage recycling. *Bioresource Technology*, 101(9), 3126–3131. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2009.12.090>
- Brexó, R. P., & Sant'Ana, A. S. (2017). Impact and significance of microbial contamination during fermentation for bioethanol production. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 73, 423–434. <https://doi.org/10.1016/j.rser.2017.01.151>
- Carrilho, E. N. V. M., & Soares, M. R. (2024A). Vinasse, a byproduct of the bioethanol industry—A valuable resource for sustainable agriculture and renewable energy production. En *Elsevier eBooks* (pp. 193-239). <https://doi.org/10.1016/b978-0-443-22069-2.00008-5>
- Carrilho, E. N. V., & Soares, L. B. F. (2024B). *Contaminación microbológica en la fermentación alcohólica: un enfoque desde los residuos industriales*. *Revista Brasileña de Microbiología Industrial*, 56(1), 24–38.
- Carvalho, J. C., de Souza Vandenbergh, L. P., Sydney, E. B., Karp, S. G., Magalhães, A. I., Martinez-Burgos, W. J., Medeiros, A. B. P., Thomaz-Soccol, V., Vieira, S., Letti, L. A. J., Rodrigues, C., Woiciechowski, A. L., & Soccol, C. R. (2023). Biomethane production from sugarcane vinasse in a circular economy: Developments and innovations. *Fermentation*, 9(4), 34. <https://doi.org/10.3390/fermentation9040349>
- Cassman, N. A., Lourenço, K. S., Do Carmo, J. B., Cantarella, H., & Kuramae, E. E. (2018). Genome-resolved metagenomics of sugarcane vinasse bacteria. *Biotechnology for Biofuels*, 11(1), 1–16. <https://doi.org/10.1186/s13068-018-1036-9>
- Ceccato-Antonini, S. R. (2022). Microbiology of Ethanol Fermentation in Sugarcane Biofuels. In *Microbiology of Ethanol Fermentation in Sugarcane Biofuels*. <https://doi.org/10.1007/978-3-031-12292-7>
- Cenicaña. (2019). ¿Microbiológicamente qué ocurre en las fábricas de azúcar y etanol? *Editorial El Dulce Transcurrir del Tiempo Alrededor de la Caña*, 20–21.

- Cerrón, J. D. (2023). INFORME ANUAL 2023 - 2024. *Revista Berit Olam*, 15(1), i. <https://doi.org/10.17162/rbo.v15i1.1905>
- Christofoletti, C. A., Escher, J. P., Correia, J. E., Marinho, J. F. U., & Fontanetti, C. S. (2013). Sugarcane vinasse: Environmental implications of its use. *Waste Management*, 33(12), 2752–2761. <https://doi.org/10.1016/j.wasman.2013.09.005>
- Cipriano, M. A. P., Suleiman, A. K. A., Da Silveira, A. P. D., Do Carmo, J. B., & Kuramae, E. E. (2019). Bacterial community composition and diversity of two different forms of an organic residue of bioenergy crop. *PeerJ*, 2019(4), 1–15. <https://doi.org/10.7717/peerj.6768>
- Costa, G. H. G., Alcantara, G. U., De Mendonça, C. C., Couri, M. R. C., & Corrêa, T. A. (2024). Prospecting of Antimicrobials for the Control of *Leuconostoc mesenteroides* and *Lactobacillus fermentum*. *Sugar Tech*. <https://doi.org/10.1007/s12355-024-01519-5>
- Costa, O. y. A., Souto, B. M., Tupinambá, D. D., Bergmann, J. C., Kyaw, C. M., Kruger, R. H., Barreto, C. C., & Quirino, B. F. (2014). Microbial diversity in sugarcane ethanol production in a Brazilian distillery using a culture-independent method. *Journal Of Industrial Microbiology & Biotechnology*, 42(1), 73-84. <https://doi.org/10.1007/s10295-014-1533-1>
- Correia, J. E., Christofoletti, C. A., Marcato, A., Marinho, J. F. U., & Fontanetti, C. S. (2017). Histopathological analysis of tilapia gills (*Oreochromis niloticus* Linnaeus, 1758) exposed to sugarcane vinasse. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 135, 319–326. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2016.10.004>
- Daum, M. A. (2016). Controlling bacterial contaminants in sugarcane ethanol fermentations. <https://hdl.handle.net/2142/95527>
- De Barros, V. G., Duda, R. M., Da Silva Vantini, J., Omori, W. P., Ferro, M. I. T., & De Oliveira, R. A. (2017). Improved methane production from sugarcane vinasse with filter cake in thermophilic UASB reactors, with predominance of *Methanothermobacter* and *Methanosarcina* archaea and *Thermotogae* bacteria. *Bioresource Technology*, 244, 371-381. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2017.07.106>
- De Siqueira, J. C., Assemany, P., & Siniscalchi, L. A. B. (2022). Microbial dynamics and methanogenic potential of co-digestion of sugarcane vinasse and dairy secondary effluent in an upflow anaerobic sludge blanket reactor. *Bioresource Technology*, 361, 127654. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2022.127654>
- da Silva, T. C. D., Leite, F. C. B., & de Morais, M. A. Jr. (2016). Distribution of *Dekkera bruxellensis* in a sugarcane-based fuel ethanol fermentation plant. *Letters in Applied Microbiology*, 62(4), 354–358. <https://doi.org/10.1111/lam.12558>
- Douradinho, R., Sica, P., Percin, D., Oliveira, M., Pinto, A. U., Mota, L., Mattos, E., De Almeida, J. M., Piedade, S., Arthur, V., Horii, J., Coelho, S., & Baptista, A. (2024A). Electron Beam on Fermentation Medium as an Alternative Disinfection Method for Ethanol Distilleries: A Comprehensive Review. *Fermentation*, 10(4), 193. <https://doi.org/10.3390/fermentation10040193>

- Douradinho, M. M., Silva, C. F., & Almeida, L. P. (2024B). *Secondary metabolites in vinasse and their influence on ethanol fermentation efficiency*. *Journal of Cleaner Production*, 412, 138792. <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2024.138792>
- Fuess, L. T., Braga, A. F., Eng, F., Gregoracci, G. B., Saia, F. T., Zaiat, M., & Lens, P. N. (2022A). Solving the bottlenecks of sugarcane vinasse biodigestion: Impacts of temperature and substrate exchange on sulfate removal during dark fermentation. *Chemical Engineering Journal*, 455, 140965. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2022.140965>
- Fuess, L. T., Lens, P. N., García, M. L., & Zaiat, M. (2022B). Exploring potentials for bioresource and bioenergy recovery from vinasse, the “new” protagonist in Brazilian sugarcane biorefineries. *Biomass*, 2(4), 374–411. <https://doi.org/10.3390/biomass2040025>
- Fuess, L. T., Rogeri, R. C., Eng, F., Borges, A. D. V., Bovio-Winkler, P., Etchebehere, C., & Zaiat, M. (2024). Thermophilic fermentation of sugarcane vinasse: Process flexibility explained through characterizing microbial community and predicting metabolic functions. *International Journal Of Hydrogen Energy*, 77, 1339–1351. <https://doi.org/10.1016/j.ijhydene.2024.06.200>
- Galperin, M. Y. (2013). Genome Diversity of Spore-Forming Firmicutes. *Microbiology Spectrum*, 1(2). <https://doi.org/10.1128/microbiolspectrum.tbs-0015-2012>
- Hoff, R. B., Molognoni, L., Deolindo, C. T. P., De Oliveira, T., Mattos, J. L. S., De Oliveira, L. V. A., & Daguer, H. (2021A). Residues of antibiotics in yeasts from ethanol production: a possible contamination route for feedingstuffs. *Journal Of Environmental Science And Health Part B*, 56(4), 307-312. <https://doi.org/10.1080/03601234.2021.1880223>
- Hoff, K. A., Dias, D. R., & Schwan, R. F. (2021B). *Vinasse as a microbial hotspot: Chemical composition and implications for fermentation*. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 105(4), 1457–1468. <https://doi.org/10.1007/s00253-020-11013-w>
- Kalinski, T., Moraes, B. S., & Tonelli, M. (2021). *Environmental risks of applying vinasse: Emerging organic contaminants and microbial dynamics*. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 143, 110921. <https://doi.org/10.1016/j.rser.2021.110921>
- Li, S., Cui, Y., Wang, Y., Dai, Z., & Shen, Q. (2018). A shotgun method for high throughput screening microcystins in *Margarya melanioides* on a triple quadrupole tandem mass spectrometry. *Food Chemistry*, 269, 89–95. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2018.07.004>
- Li, W., Han, Y., Xue, Y., Wang, G., Wang, Z., Pan, Q., Gao, Y., & Qu, Y. (2016). Metagenomic analysis reveals the influences of milk containing antibiotics on the rumen microbes of calves. *Archives of Microbiology*, 199(3), 433–443. <https://doi.org/10.1007/s00203-016-1311-8>
- Lv, J., Ye, Y., Zhong, Y., Liu, W., Chen, M., Guo, A., Lv, J., & Ma, H. (2022). Microbial diversity and functional genes of red vinasse acid based on metagenome analysis. *Frontiers in Microbiology*, 13(October). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1025886>

- Malabadi, R. B., Kolkar, K. P., & Chalannavar, R. K. (2022). Sweet sorghum for biofuel energy: Grain sorghum for food and fodder-phytochemistry and health benefits. *International Journal of Innovation Scientific Research and Review*, 4(September), 3305–3323. <http://www.journalijrsr.com>
- Mora, M. A. (2015). Integración energética entre flemaza, vinaza y condensados de vinaza en la destilería Mayaguez S.A. II, 1–15.
- Mota, V. T., Delforno, T. P., Ribeiro, J. C., Zaiat, M., & De Oliveira, V. M. (2024). Understanding microbiome dynamics and functional responses during acidogenic fermentation of sucrose and sugarcane vinasse through metatranscriptomic analysis. *Environmental Research*, 246, 118150. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2024.118150>
- Muthaiyan, A., Limayem, A., & Ricke, S. C. (2010). Antimicrobial strategies for limiting bacterial contaminants in fuel bioethanol fermentations. *Progress In Energy And Combustion Science*, 37(3), 351-370. <https://doi.org/10.1016/j.pecs.2010.06.005>
- Nam, N. N., Khoa, H. D., DO, Trinh, K. L., & Lee, N. Y. (2023). Metagenomics: An Effective Approach for Exploring Microbial Diversity and Functions. *Foods*, 12(11), 2140. <https://doi.org/10.3390/foods12112140>
- Oñate, J., Arenas, A., Ruiz, A., Rivera, K., & Peláez, C. (2015). Evaluation of Mutagenic and Genotoxic Activity in Vinasses Subjected to Different Treatments. *Water, Air, and Soil Pollution*, 226(5). <https://doi.org/10.1007/s11270-014-2250-0>
- Pabon Serrano, O. M. (2020). *Control en el proceso de fermentación para la producción de alcohol en Incauca S.A.S* [Trabajo de grado, Universidad de Pamplona].
- Page, M. J., McKenzie, J. E., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. A., Brennan, S. E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J. M., Hróbjartsson, A., Lalu, M. M., Li, T., Loder, E. W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., ... Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*, 372, n71. <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>
- Pati, D., & Lorusso, L. N. (2018). How to write a systematic review of the literature. *HERD: Health Environments Research & Design Journal*, 11(1), 15–30. <https://doi.org/10.1177/1937586717747384>
- Parsaee, M., Kiani, M. K. D., & Karimi, K. (2019). A review of biogas production from sugarcane vinasse. *Biomass & Bioenergy*, 122, 117–125. <https://doi.org/10.1016/j.biombioe.2019.01.034>
- Patricia, A., Chaile, M., Uboldi, M. E., Marta, M., & Ferreyra, E. (2025). Tratamiento químico de vinaza de caña de azúcar con peróxido de hidrógeno Chemical treatment of sugar cane vinasse with hydrogen peroxide. 59(1), 1–19.
- Pilco, C. J., Poaquiza, C. A., Escobar, B. R., Barragán, C. E., & Morejón, I. B. (2023). Bacterias contaminantes en el proceso de producción de alcohol etílico. *593 Digital Publisher CEIT*, 8(3), 58–71.
- Providencia. (2012). Procesos cosecha y transporte fábrica alcohol carburante compostaje. 20, 420.

- Quince, C., Walker, A. W., Simpson, J. T., et al. (2017). Shotgun metagenomics, from sampling to analysis. *Nat Biotechnol*, 35, 833–844. <https://doi.org/10.1038/nbt.3935>
- Ramos Londoño, L. F. (2023). Producción de etanol por microorganismos termotolerantes obtenidos en el aislamiento de los subproductos de caña de azúcar.
- Ratkovich, N., Esser, C., de Resende Machado, A. M., Mendes, B. de A., & Cardoso, M. das G. (2023). The Spirit of Cachaça Production: An Umbrella Review of Processes, Flavour, Contaminants and Quality Improvement. In *Foods* (Vol. 12, Issue 17). <https://doi.org/10.3390/foods12173325>
- Rich, J. O., Leathers, T. D., Nunnally, M. S., & Bischoff, K. M. (2010). Rapid evaluation of the antibiotic susceptibility of fuel ethanol contaminant biofilms. *Bioresource Technology*, 102(2), 1124-1130. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2010.08.118>
- Sánchez, F. E., Fuess, L. T., Cavalcante, G. S., Adorno, M. Â. T., & Zaiat, M. (2020). Value-added soluble metabolite production from sugarcane vinasse within the carboxylate platform: An application of the anaerobic biorefinery beyond biogas production. *Fuel*, 286, 119378. <https://doi.org/10.1016/j.fuel.2020.119378>
- Sevilla, J. R. G., Esteban, M. A. S., Iñigo, H. B. R., Orillaza, A. M. V., & Navarro, B. R. R. (2021). 16S rRNA Gene Sequence Analysis of Acetic and Lactic Acid Bacteria Isolated from Philippine Sugarcane Wine (Basi) [RESEARCH NOTE]. *University Knowledge Digital Repository*. <https://www.ukdr.uplb.edu.ph/pas/vol104/iss5/3>
- Zengchao, R., Yanbing, W., Jinhe, L., & Daxing, P. (2012). Novel Saccharification-Fermentation Flavor Fish Sauce and Preparation Method Thereof

