



**INFLUENCIA DE LA COMUNIDAD BACTERIANA EN LOS CICLOS
BIOGEOQUÍMICOS DEL CARBONO Y EL NITRÓGENO EN EL ECOSISTEMA DE
MANGLAR**

**UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR DE CUNDINAMARCA
FACULTAD CIENCIAS DE LA SALUD
PROGRAMA BACTERIOLOGÍA Y LABORATORIO CLÍNICO
PROYECTO DE GRADO
BOGOTÁ D.C
2020**



**INFLUENCIA DE LA COMUNIDAD BACTERIANA EN LOS CICLOS
BIOGEOQUÍMICOS DEL CARBONO Y EL NITRÓGENO EN EL ECOSISTEMA DE
MANGLAR**

Danya Gabriela Ramírez Lozada
Nicolás David Rojas Villamil

Asesor interno

PhD. Martha Lucía Posada Buitrago

Monografía para optar al título de Bacteriólogo y Laboratorista Clínico

**UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR DE CUNDINAMARCA
FACULTAD CIENCIAS DE LA SALUD
PROGRAMA BACTERIOLOGÍA Y LABORATORIO CLÍNICO
PROYECTO DE GRADO
BOGOTÁ D.C
2020**



**INFLUENCIA DE LA COMUNIDAD BACTERIANA EN LOS CICLOS
BIOGEOQUÍMICOS DEL CARBONO Y EL NITRÓGENO EN EL ECOSISTEMA DE
MANGLAR**

**UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR DE CUNDINAMARCA
FACULTAD CIENCIAS DE LA SALUD
PROGRAMA BACTERIOLOGÍA Y LABORATORIO CLÍNICO
PROYECTO DE GRADO
BOGOTÁ D.C
2020**

DEDICATORIA

A todas las personas y docentes que hicieron parte de nuestro proceso de formación profesional, a nuestras familias y amigos, que nos brindaron su apoyo, tiempo, consejos y paciencia en este camino que no ha culminado y aún está lleno de sueños, esperanzas y metas por alcanzar.

AGRADECIMIENTOS

Principalmente a nuestras familias porque han sido la base de nuestra formación aportando grandes cosas en nuestras vidas, por confiar y creer en nuestras capacidades y destrezas a lo largo de esta carrera.

A la Dra. Martha Lucía Posada por su confianza y asesoría que junto a los biólogos Giovanni Ulloa y Clara Sierra nos brindaron sus conocimientos.

A la Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca y a su planta docente que nos han formado como profesionales integrales para poder ejercer y contribuir con la sociedad.

Tabla de contenidos

RESUMEN	9
SUMMARY	10
1. Introducción	11
2. Objetivos.....	13
2.1. Objetivo general	13
2.2. Objetivos específicos.....	13
3. Antecedentes (estado del arte).....	14
4. Marco teórico.....	24
4.1 Manglar	24
4.2. Ventajas de la protección de los manglares.....	25
4.3. Los manglares en Colombia y Córdoba	26
4.4. Microbiota de los manglares y su importancia.....	28
4.5. Ciclo del carbono y su relación con el manglar	31
4.6. Ciclo del nitrógeno y su relación con el manglar	33
5. Diseño metodológico	35
5.1. Tipo de investigación.....	35
5.2. Universo, población y muestra	35
5.2.1. Universo.....	35
5.2.2. Población	35
5.2.3. Muestra.....	36
6. Metodología.....	36
6.1. Revisión bibliográfica.....	36
6.2. Selección del material bibliográfico.	36
6.3. Elaboración de la estructura del documento.	36
7. Resultados.....	37
7.1. Revisión bibliográfica.....	37
7.2. Selección del material bibliográfico.	37
7.3. Elaboración de la estructura del documento.	40
8. Discusión	48
9. Conclusiones	58
10. Referencias	60

Anexos	94
--------------	----

Lista de tablas

Tabla 1. Artículos seleccionados que contienen los temas principales.	40
Tabla 2. Microorganismos procariotas encontrados de sedimento y agua del ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá relacionados con los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno.....	41

Lista de figuras

Figura 1. Distribución de los manglares colombianos y su relación con las precipitaciones anuales y el clima.	28
Figura 2. Temas principales que se abordan en este trabajo. Fuente: elaboración propia.	38
Figura 3. Bases de datos y páginas web utilizadas para la consulta de información. Fuente: elaboración propia.	38
Figura 4. Clasificación de referencias bibliográficas. Fuente: elaboración propia.	39
Figura 6. Secuencias analizadas de un total de 3.215 OTU para el manglar de la bahía de Cispatá.. Fuente: elaboración propia.....	42
Figura 7. Filos de los microorganismos procariotas involucrados en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá. Fuente: elaboración propia.....	43
Figura 8. Microorganismos procariotas involucrados en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá. Fuente: elaboración propia.....	43
Figura 9. Hábitat donde se encontraron los microorganismos procariotas involucrados en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá. Fuente: elaboración propia.	44
Figura 10. Microorganismos procariotas que desempeñan una función importante en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá. Fuente: elaboración propia.	45
Figura 11. Esquema de las rutas metabólicas implicadas en el ciclo biogeoquímico del carbono. Fuente: elaboración propia.	47
Figura 12. Esquema de las rutas metabólicas implicadas en el ciclo biogeoquímico del nitrógeno. Fuente: elaboración propia.	47

RESUMEN

Los ecosistemas de manglar son poco comunes en todo el mundo, tienen un valor tanto económico como ecológico alto, ofreciendo una amplia gama de servicios y bienes para la comunidad, además de ser el hábitat de diversas especies animales, vegetales y una gran comunidad microbiana que controla procesos fundamentales para su mantenimiento y supervivencia. En relación con lo anterior, conocer el microbioma de estos ecosistemas ayuda a caracterizarlos, determinar su funcionalidad e influencia en los ciclos biogeoquímicos que son importantes para el sostenimiento del mismo. El objetivo de este trabajo es determinar la influencia de la comunidad procariota en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en el ecosistema de manglar, mediante una revisión documental, donde se incluyó literatura científica, bases de datos bibliográficas, libros, entre otras fuentes, con información obtenida de entidades nacionales e internacionales sobre el tema objeto de estudio. Se observó que las transformaciones energéticas relacionadas con los ciclos del carbono y nitrógeno en los ecosistemas de manglar son llevadas a cabo por microorganismos procariotas que pertenecen principalmente a los filos Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteria, Chloroflexi, Bacteroidetes, Cyanobacteria, Bathyarchaeota y Euryarchaeota, y se observan mayor abundancia y diversidad en los microorganismos involucrados en el ciclo del carbono que del nitrógeno. Finalmente, se resalta la importancia que tienen la biodiversidad y los ciclos biogeoquímicos en la conservación de los ecosistemas, que a su vez, son una fuente de ingreso y sostenibilidad para las poblaciones.

Palabras clave: microbioma, microbiota, manglar, ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno.

SUMMARY

Mangrove ecosystems are rare worldwide; they have a high economic and ecological value, offering a wide range of services and goods to the community, this ecosystem harbors a high biodiversity of animals, plants and a large microbial community, which controls fundamental processes for its maintenance and survival. Regarding the above, knowing the microbiome of these ecosystems helps to characterize them and determine their functionality and influence on the biogeochemical cycles, especially carbon and nitrogen, which are important for their sustainability. The goal of this work is to determine the influence of the prokaryotic community on the carbon and nitrogen biogeochemical cycles in the mangrove ecosystem through a documentary review that includes scientific literature, bibliographic databases, books, among other sources, with information obtained from national and international entities about the subject under study. It was observed that the energetic transformations related to carbon and nitrogen cycles in mangrove ecosystems are carried out by prokaryotic microorganisms that belong mainly to the phyla Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteria, Chloroflexi, Bacteroidetes, Cyanobacteria, Bathyarchaeota and Euryarchaeota, with higher abundance and biodiversity of the microorganisms involved in the carbon cycle than the ones in the nitrogen cycle. Finally, the importance of biodiversity and biogeochemical cycles in the conservation of ecosystems is highlighted, which in turn are a source of income and sustainability for populations.

Keywords: microbiome, microbiota, mangrove, carbon and nitrogen biogeochemical cycles.

1. Introducción

Los bosques de manglar se caracterizan por ser ecosistemas únicos que albergan una gran diversidad de flora y fauna, protegen las zonas costeras y sus comunidades de tormentas, huracanes, tsunamis, además, que proveen una gran variedad de servicios ecosistémicos como alimentación, turismo, zonas de recreo, educación, entre otros. Colombia es un país cuya extensión de manglar es amplia, en donde los manglares del Departamento de Córdoba ocupan el tercer lugar en extensión y son uno de los mejores conservados en toda la región del Caribe colombiano, tanto así que la autoridad ambiental (CVS) otorgó permisos de aprovechamiento forestal en la bahía de Cispatá aproximadamente de 4000 Ha, beneficiando una gran parte de la comunidad, convirtiendo este ecosistema en una nueva alternativa de sustento económico para la población, sin embargo, la destrucción sistemática de estos ecosistemas está aumentando a causa, principalmente, de la actividad humana como la acuicultura, la agricultura, los usos urbanos e industriales. Aunque los árboles de manglar son el componente primario y más visible de este tipo de ecosistemas, no se reconoce que está compuesto por una amplia gama de organismos que pertenecen a diferentes grupos sistémicos entre los que se incluyen bacterias, arqueas, hongos, microalgas e invertebrados, los cuales son esenciales por realizar las transformaciones de los nutrientes efectuando importantes contribuciones en su productividad y funcionamiento.

Existe una relación microorganismo - nutriente - planta que funciona como un mecanismo único de reciclaje y conservación de nutrientes en el ecosistema de manglar; la comunidad microbiana altamente productiva y diversa que vive allí, transforma continuamente la materia orgánica de diferente procedencia en fuentes de nitrógeno, fósforo y otros nutrientes que las plantas pueden usar. A su vez, las raíces de las plantas liberan exudados que sirven de alimento para los microorganismos que habitan en el ecosistema, así como otros materiales vegetales sirven de alimento para organismos más grandes. A pesar de que este ecosistema es rico en materia orgánica, esta no está disponible para ser utilizada como fuente de alimento, por lo que la actividad microbiana es importante para transformarla proporcionando nutrientes y asegurando la productividad del mismo, sin embargo, aún son desconocidos los microorganismos procariotas que están implicados en

estos procesos de transformación energética que mantienen el ecosistema de manglar.

Al momento de realizar estudios sobre el microbioma asociado a este tipo de ecosistemas, la ciencia comúnmente utilizada es la metagenómica, ya que esta estudia las secuencias provenientes de un metagenoma, es decir, el ADN presente de un conjunto de individuos de una zona ambiental específica, donde el ADN puede secuenciarse para proporcionar información de la comunidad microbiana en términos de taxonomía, funcionamiento y posibles rutas metabólicas que se estén desarrollando en este entorno. La importancia de dichos microorganismos recae en la supervivencia y funcionalidad del manglar, debido a que son fundamentales en el curso de los ciclos biogeoquímicos, la remediación de aguas y suelos, la degradación de la materia orgánica y la producción de alimento para otras especies.

2. Objetivos

2.1. Objetivo general

- Determinar la influencia de la comunidad procariota en los ciclos biogeoquímicos del Carbono y Nitrógeno en el ecosistema de manglar.

2.2. Objetivos específicos

- Conocer el estado actual de los estudios sobre la comunidad procariota en los ecosistemas de manglar mediante una revisión documental.
- Identificar los principales microorganismos procariotas involucrados en el desarrollo del ciclo del Nitrógeno en los ecosistemas de manglar.
- Identificar los principales microorganismos procariotas involucrados en el desarrollo del ciclo del Carbono en los ecosistemas de manglar.
- Relacionar la diversidad procariota del ecosistema de manglar de la Bahía de Cispatá (San Antero, Córdoba) y su función en los ciclos biogeoquímicos del carbono y el nitrógeno.

3. Antecedentes (estado del arte)

Sánchez, Ulloa y Álvarez¹, en cooperación con la Corporación Autónoma Regional De Los Valles Del Sinú y De San Jorge realizan la caracterización, diagnóstico y zonificación de los manglares situados en el departamento de Córdoba y que junto con la base de datos HELIO_SP.CO v.1 propuesta por Blanco y Álvarez² en el 2019, permiten tener un acercamiento más próximo sobre la situación de estos ecosistemas en el país.

Para el 2003, Álvarez³ describe evidentes problemas que presentan los ecosistemas de manglar, entre los cuales destaca la construcción de obras civiles como carreteras, canales y vías férreas, la edificación y adecuación de muelles, la ampliación de centros urbanos, factores que para ese entonces, y no muy distantes de los actuales, han contribuido a la desaparición y degradación de los bosques de manglar. Además, en su trabajo se destacan los esfuerzos que se realizaron a nivel nacional para la recuperación de estas zonas con la declaratoria de Parques Nacionales, Santuarios de Fauna y Flora, Reservas Forestales, Áreas de Manejo Especial y Áreas Exclusivas de Pesca Artesanal. Por último, resalta el uso de especies vegetales como *R. mangle*, *A. germinans*, *L. racemosa* y *C. erectus* para la recuperación forestal costera de las áreas de manglar perdidas.

Los estudios metagenómicos, de acuerdo con lo descrito por Hernández, et al.⁴, permiten conocer la diversidad microbiana que se puede encontrar en un ambiente específico, así como los genes que se expresen bajo determinadas condiciones ambientales y sus interacciones ecológicas; este análisis proporciona un método para evaluar la base de posibles rutas metabólicas del entorno, en donde el ADN presente puede secuenciarse para proporcionar una visión más amplia de la comunidad microbiana en términos de taxonomía y funcionamiento potencial, además de relacionarlos de forma importante con los ciclos biogeoquímicos, y por lo tanto, describir su influencia en la vida terrestre.

En la última década, los análisis metagenómicos respaldados por la secuenciación de alto rendimiento se han utilizado ampliamente para detectar propiedades ecológicas microbianas, y son varios los estudios que apuntan a dilucidar estas propiedades en los ecosistemas de manglar. Uno de ellos es el realizado por Andredote, et al.⁵ en el 2012, que presenta una descripción de los microorganismos

encontrados en cuatro áreas diferentes de manglares en el estado de São Paulo, Brasil. En este estudio se especifican los grupos microbianos presentes en el ecosistema y la relación que hay entre los ciclos biogeoquímicos y los procesos metabólicos que allí se pueden llevar a cabo, procesos importantes en el metabolismo energético. Este estudio se realizó utilizando el método de pirosecuenciación y se utilizaron plataformas como Blastx para la asignación taxonómica y KEGG para realizar los mapas metabólicos de las transformaciones de metano, nitrógeno y azufre, identificando microorganismos que pertenecen principalmente a los filos Proteobacteria y Firmicutes que están involucrados en estas transformaciones.

La salinidad es una de las principales causas de bajo rendimiento energético en gran parte de los ecosistemas, pero los manglares se caracterizan por tener en su mayoría una regulación genética en la exposición a la sal; por ello, Huang, et. al.⁶, en 2012, secuencian por el método de Illumina a *Millettia pinnata*, una planta semi-manglar que puede sobrevivir a una amplia gama de condiciones salinas y puede crecer en agua dulce o de mar. Se generaron ~192 millones de lecturas cortas de cuatro bibliotecas de ADNc de *M. pinnata* y mediante las técnicas de (RT-PCR) y PCR en tiempo real se evaluaron los cambios en los niveles de expresión para varios genes de interés. Con bases de datos como, BLASTx, COG, KEGG, (nr) de NCBI, y GO, identificaron genes implicados en rutas de señalización con respecto al estrés salino. En su mayoría los genes eran similares a *Arabidopsis*.

En 2014, Sorokin, et al.⁷, describen cómo los métodos dependientes e independientes del cultivo han ayudado a la identificación de procesos y genes clave en los ciclos biogeoquímicos del carbono, nitrógeno y azufre mediados por microorganismos que habitan los lagos de soda. En el agua y sedimentos de estos ecosistemas prevalecen las altas concentraciones de carbonatos de sodio y un potencial de hidrógeno (pH) alcalino, lo que proporciona un ambiente único para una diversidad de bacterias haloalcalifílicas y arqueas. Estos autores concuerdan que los enfoques ómicos, así como la secuenciación de amplicones de fragmentos del gen 16S y la detección de genes funcionales y sus transcripciones, permiten determinar las interacciones, revelar la diversidad y diferenciación de una diversidad de genes que tienen uso potencial en diversas aplicaciones biotecnológicas.

El nitrógeno es el factor limitante para el crecimiento y reproducción de los manglares, Ray, et al. ⁸, 2014, estudian el manglar de Sundarbans, Bangladesh, India, basados en el ciclo biogeoquímico del nitrógeno. Estos autores concuerdan que las bacterias de vida libre presentes en el sedimento influyen en la fijación de nitrógeno. Evaluaron el contenido de nitrógeno en *A. alba*, *Ceriops decandra*, *A. marina*, *S. apetala*, donde la absorción de NH_3 y NO_x por parte de la planta podría representar sólo el 2% del nitrógeno requerido para la producción neta de manglar. El nitrógeno total presente en el sedimento de manglar proviene en su mayoría de la caída de material orgánico y la fijación de nitrógeno en la biomasa. Se concluyó que en este ecosistema hay una correlación positiva entre el nitrógeno inorgánico total y el carbono orgánico presente en los sedimentos, lo que indica que la regulación de nitrógeno es realizada por procesos in situ.

Verhoeven, et al. ⁹ 2014, realizan una comparación en el funcionamiento del ciclo del nitrógeno antes y después del uso de la gestión del embalse rotacional (Rotational Impoundment Management - RIM) en suelo del manglar negro (*Avicennia germinans*); esta técnica de inundación estacional implica bombear el agua del estuario a embalses durante la primavera y el verano para elevar los niveles de agua en 30 cm. Gracias a las inundaciones con agua estuarina, la fluctuación del agua en el manglar fue mejor, evitando el desarrollo de parches de hipersalinidad que disminuyen su crecimiento. También se mostró que la nitrificación y desnitrificación disminuyó, aumentando así el amonio presente en el suelo (acumulación) lo que dio como resultado el crecimiento de brotes y mayor producción y concentración de nitrógeno en las hojas.

De acuerdo con lo afirmado por Polanía, Urrego y Agudelo¹⁰ en el 2015, la Universidad Nacional de Colombia en Medellín ha venido estudiando los manglares colombianos utilizando diferentes técnicas entre las que se destacan la teledetección, el análisis de polen de sedimentos superficiales y profundos, la dinámica de la vegetación costera del Holoceno, la datación de sedimentos con ^{14}C y ^{210}Pb , entre otras técnicas, que han permitido dilucidar la dinámica de la comunidad de los manglares a corto y largo plazo. Además, destacan los patrones de lluvia, tanto en la costa Caribe como Pacífica, que junto con las mareas y la geomorfología local producen rodales de manglar con diferentes estructuras y

composiciones de especies, concluyendo que la heterogeneidad del hábitat aumenta la riqueza y abundancia de especies y el polen vegetal de manglares y marismas refleja las condiciones ambientales de perturbación y también revela los tipos de bosques.

En 2015, Simoes, et al.¹¹, en un estudio metagenómico de sedimento de la rizósfera de mangle gris del Mar Rojo (*Avicennia marina*), intentan caracterizar las poblaciones fúngicas y su asociación con la rizosfera. Se encontró una mayor proporción de comunidades fúngicas, en comparación con las comunidades procariotas, en donde el filo Ascomycota, presente en diferentes sustratos ricos en lignina, celulosa y quitina, se encontró como el filo más dominante (76% –85%), a diferencia del filo Basidiomycota que fue el menos abundante (14% –24%). Los autores proponen que la abundancia de hongos se correlaciona significativamente con las concentraciones de fosfato, mientras que las condiciones anaeróbicas episódicas son posibles de la baja abundancia de los mismos. Además, se encontró la presencia de varias especies de hongos en este microbioma que no se informaron previamente como asociadas a manglares.

Conforme con lo publicado en el año 2015 por Dudhagara, et al.¹², la metagenómica en la ecología microbiana es un enfoque emergente y útil que permite determinar la influencia de los microorganismos en un ecosistema y cobró relevancia incluso desde el primer uso del concepto en 1998 por Jo Handelsman. Además de estudiar el material genético recuperado directamente de muestras ambientales, estos estudios cuentan con una amplia lista de herramientas de software, de las cuales actualmente algunas están disponibles en el dominio público como MGRAST, METAVIR, entre otras.

Jing, et al.¹³ en el 2016, mediante la pirosecuenciación del gen *mcrA* estudiaron los sedimentos de manglar, en las costas norte y sur de Singapur, y el efecto que pueden tener sobre ellos las actividades antropogénicas. Este estudio reveló la presencia de una combinación de metanógenos hidrogenotróficos, acetoclásticos y metilotróficos, en donde predominaban los *Methanosarcinales* que reflejan el potencial del ecosistema en la alta producción de metano. La diversidad de las comunidades metanogénicas podría deberse a las variaciones de temperatura y las concentraciones de nitrato, cobalto y níquel. No es claro aún cómo se altera la

producción de metano por metales pesados que llegan al manglar desde zonas cercanas. Además, concuerdan que es necesario estudiar la composición de los metanógenos que residen en las capas menos profundas de los sedimentos de manglar y su tasa de producción de metano asociada para comprender los flujos globales que ocurren en estos ecosistemas y sus posibles contribuciones al calentamiento global.

Lisboa, et al.¹⁴ en su investigación publicada en 2016, evaluaron una laguna en Puerto Rico y su respuesta al aumento del nivel del mar y los cambios climáticos. Su estudio se basó en el análisis de sedimentos, registros de polen, $\delta^{15}\text{N}$, $\delta^{13}\text{C}$ (isótopos estables en la retención de nitrógeno y carbono), datos C/N, usando como indicadores de la dinámica costera a los manglares, ya que sus posiciones dentro de la zona intermareal están fuertemente influenciadas por el aumento del nivel del mar. Basados en los resultados de varias especies de mangle y dependiendo el nivel de Holoceno, se concluyó que las mayores concentraciones de polen se obtuvieron a lo largo de la asociación de facies en marea plana con el manglar, pero estos mismos desaparecieron en el Holoceno tardío.

Con respecto al cambio climático y su relación con los ciclos biogeoquímicos, durante el 2016, Llyina y Friedlingstein¹⁵ trataron como tema principal los gases de efecto invernadero (CO_2 , CH_4 y N_2O), haciendo énfasis en las concentraciones de CO_2 y la importancia de los sumideros de carbono y sus relaciones con los procesos biológicos, la fotosíntesis y la respiración. Además, se menciona la conformación de un comité directivo que para 2016-2019 estará al tanto de investigaciones enfocadas en los ciclos biogeoquímicos, el cambio climático y los procesos oceánicos y de la tierra, ya que el cambio climático futuro no solo estará determinado por emisiones antropogénicas, sino también por las reacciones entre el sistema climático físico y los ciclos globales del carbono y nitrógeno.

Como se sabe, los hidrocarburos representan un peligro en general para el medio ambiente, por ello, Reinert, et al.¹⁶, 2016, adoptan la técnica de fluorescencia transitoria de clorofila como un método de diagnóstico confiable, rápido y fácil de aplicar para evaluar los manglares contaminados por petróleo. Aquí se monitorea la vegetación en el manglar realizando una simulación de derrame de petróleo durante 17 días, en donde se encontró que después de la exposición hubo una disminución

del índice de rendimiento fotosintético total después del derrame. Concluyen que esta técnica es una buena herramienta para monitorear las respuestas tempranas a la contaminación por petróleo en los manglares, ya que la mayoría de las plantas no presenta un indicador visual cuando están expuestas a estrés.

Para evaluar las perturbaciones naturales y antropogénicas, Dangan et al.¹⁷, 2016, hablan sobre la Bahía de Puerto Princesa en Filipinas, donde encontraron 28 especies de manglares y 11 asociados florales (14 familias y 15 géneros). Analizaron diferentes zonas para identificar por medio de una nomenclatura descrita en otros artículos y el software *Biodiversity Professional*, qué especie se encontraba con mayor prevalencia y si esta se encontraba presente en otras zonas. También, como influencias antropogénicas, se identificaron como factores de riesgo para los bosques de manglar la tala ocasional de árboles, la invasión por humanos, el vertido de basura y la erosión del suelo.

Actualmente hay un gran interés por determinar cómo algunas especies de manglar pueden tolerar la alta salinidad. Investigaciones como la de Xiaorong, et al.¹⁸, en 2016, utilizan la información sobre los genes identificados en la adaptación al estrés salino de las especies de manglar para el desarrollo de cultivos que permitan aislar microorganismos tolerantes a la sal con la finalidad de poder caracterizar y llegar a comprender los mecanismos moleculares de tolerancia en halófilos.

En el 2016, Ramírez¹⁹ afirma que las Áreas Marinas Protegidas (AMP) se establecieron con fines de conservación y sostenibilidad en Colombia. A través de un análisis de documentos, informes y entrevistas, se observan las barreras y las oportunidades relacionadas con las AMP, y cómo mediante los resultados obtenidos las políticas marinas y costeras han ayudado a mejorar las AMP, sin embargo, se observa que a nivel de gobierno no están bien ejecutadas estas políticas de AMP por lo que aún se evidencia la fuerte sobreexplotación de los recursos naturales en estas áreas. Concluyen que se deben generar oportunidades de empleo que no estén relacionadas directamente con la explotación de los recursos sino más bien con la conservación de los ecosistemas y su biodiversidad.

En términos de secuenciación de muestras de manglar, Ghosh y Bhadury²⁰ en 2017, comparan el uso de dos métodos de secuenciación de muestras de manglar, como

lo son Sanger e Illumina MiSeq. Aquí revelan algunas diferencias que se pueden encontrar dependiendo el método que se utilice, aunque ambos tienen congruencia en cuanto a la estructura de los taxones, el método Illumina MiSeq posee una resolución más profunda para comprender la estructura de las comunidades.

Una de las importancias del manglar, según Behera, et al.²¹, expuesta en su artículo del 2017, es conocer y utilizar la diversidad de sus microorganismos en cuanto a la degradación de la biomasa celulósica. Los microorganismos se aíslan teniendo en cuenta el método de Mandels y Weberen (agar CMC (sln al 1% de carboximetilcelulosa)) para observar la hidrólisis de la celulosa. Debido a que la celulosa es el componente más abundante de la biomasa vegetal en la tierra, esta puede ser utilizada en diversas industrias como la de textiles, alimentos, químicos, entre otras. Por esto, el desarrollo de métodos rápidos para la detección de celulasas permitirá aislar un mayor número de celulasas bacterianas de interés comercial.

Burgos, et al.²², en el 2017, determinaron las concentraciones de hidrocarburos aromáticos policíclicos y metales pesados mediante espectroscopía de absorción atómica de vapor frío (CVAAS) y espectrometría de masas en muestras de sedimento, agua, peces y aves marinas de la Bahía de Cispatá, Colombia. En esta investigación se encontraron altas concentraciones de metales pesados en el orden de Cu > Pb > Hg > Cd, también altas concentraciones de mercurio en las muestras de aves marinas y peces. Estos autores concluyen que la presencia de hidrocarburos puede deberse a derrames durante el transporte de petróleo en el puerto petrolero cercano, mientras que la presencia de metales pesados está relacionada con la pintura anticorrosiva utilizada en las embarcaciones, la escorrentía y el transporte del sistema de ríos y lagunas que forman parte de la Bahía de Cispatá.

En el 2017, Lamba et al.²³, presentan la complejidad del ciclo del nitrógeno que reside en una interacción entre reversibles vías bioquímicas en respuesta a diversas señales ambientales. Destacan que los procesos biogeoquímicos están fuertemente influenciados por enzimas excretadas por diversos microorganismos y mediante la plataforma KEGG generan una red general de regulación bioquímica del ciclo del nitrógeno, en donde observan como las condiciones redox fluctuantes del suelo

facilitan la concurrencia de diferentes vías de transformación microbiana del nitrógeno.

El pH (factor más influyente en la configuración de la comunidad arqueal), el contenido de agua y el potencial redox, se deben tener en cuenta para la determinación de la comunidad microbiana en los sedimentos de manglar, así como lo demuestra el estudio de Zhou, et al.²⁴, en 2017, que por medio de la secuenciación de alto rendimiento MiSeq y métodos de PCR cuantitativa encuentran cinco filos bacterianos abundantes correspondientes a Proteobacteria (Gammaproteobacteria), Chloroflexi, Bacteroidetes, Cyanobacteria y Planctomycetes, en donde algunos de estos microorganismos se encuentran con mayor abundancia en las capas superficiales del sedimento. La comunidad arqueal compuesta por Thaumarchaeota y FSCG, relacionados con la oxidación aeróbica de amonio, se enriquecieron en la capa superficial y decrecieron en las capas subsuperficiales.

Los manglares tienen zonas intermareales con una dinámica hidrológica compleja que implica una inmersión periódica del agua de mar y la descarga de agua subterránea. Según Xiao, et al.²⁵, en 2017, las zonas de humedales costeros pueden generar micro ambientes sedimentarios que pueden alterar procesos del ciclo del nitrógeno. Utilizaron la ley generalizada de Darcy para calcular la tasa de intercambio de agua de mar y agua subterránea. En los resultados obtuvieron que en la zona de manglar, el NH_4^+ fue la forma dominante de DIN (nitrógeno inorgánico disuelto) en el agua subterránea y la tasa promedio de eliminación de nitrógeno fue de aproximadamente de 2.07 g por día por metro cúbico de sedimento de manglar.

Wang, et al.²⁶, en su artículo del 2018, tomaron muestras de sedimento de manglar para observar la influencia de la salinidad en el ciclo del nitrógeno. El potencial de actividad desnitrificante se midió de acuerdo con el método de inhibición de C_2H_2 , además, hacen extracción de ADN, PCR y clones de composiciones comunitarias de bacterias y arqueas. Sus resultados muestran que la salinidad se correlaciona negativamente con la actividad y la abundancia de genes desnitrificantes, como *nirK* y *nosZ*; por un lado, se observó que los nitrificadores son más abundantes en salinidad intermedia, mientras que las bacterias oxidantes de amoníaco (AOB) y las bacterias DNRA (reducción desasimilatoria de nitrato a amonio) se ven favorecidas en condiciones de mayor salinidad.

Abril, Alfonso, Arango y Bermúdez²⁷, 2018, en su proyecto de grado buscaban contribuir al conocimiento de la diversidad procariota presente en agua y sedimentos del manglar de la bahía de Cispatá, Córdoba, a través de la metagenómica utilizando el método de secuenciación de Illumina Miseq. En sus resultados observaron el predominio del filo Proteobacteria, tanto en muestras de agua como de sedimento, el predominio, además, de la Clase Epsilonproteobacteria en muestras de agua y el predominio de las Gammaproteobacteria en las muestras de sedimento. Como conclusión, hubo gran diversidad microbiana en ambas muestras, y en las muestras de agua de la desembocadura del Río Sinú hubo presencia de metales pesados como cadmio, plomo, cromo y zinc.

Muñoz, et al.²⁸, en su artículo del 2019, describen un estudio realizado en un manglar de la Guajira - Colombia en donde secuenciaron genes involucrados en la degradación de compuestos xenobióticos según el grado de salinidad de las muestras. Se obtuvo 294,130,516 lecturas y 507,343 se clasificaron en vías para el metabolismo de compuestos xenobióticos, y mediante la base de datos KEGG Orthology (KO), mostraron 16 vías y 113 genes que fueron influenciados por salinidad como acetil-CoA C-acetiltransferasa (*atoB*), catalasa-peroxidasa (*katG*) y sintasa GMP (hidrolización de glutamina) (*guaA*). Además, concluyeron que a medida que aumenta la salinidad, aumentan la abundancia de genes y los mecanismos de protección para reducir el daño.

Pugh, et al.²⁹, en 2019, determinan mediante un modelo matemático, en el que se incluyen las variables espacio - tiempo, la importancia del reemplazo de los rodales para la rotación de la biomasa de carbono a nivel mundial durante el período 2001-2014. Los cambios en las áreas de perturbación pueden influir en el sumidero de carbono forestal, generando así una problemática, ya que la absorción del carbono en la biomasa forestal disminuye la tasa de crecimiento atmosférico del dióxido de carbono, contribuyendo con el cambio climático. Como resultado, concuerdan que la biomasa de carbono está presente principalmente en la hojarasca, mientras lo restante se elimina del ecosistema como extracción del producto, pero cuando hay incendios la biomasa de carbono es transferida a la atmósfera.

Las emisiones de CH₄ de los humedales salinos y los manglares generalmente se han considerado insignificantes, pero Jeffrey, et al.³⁰, midieron el flujo de CH₄ del

tallos de árbol de mangle muerto y vivo, así como el del sedimento de ambos lugares, con la finalidad de determinar si actúan como conductos de CH₄. La medición se realizó mediante una técnica de cámara dinámica cerrada. Los resultados sugieren que los tallos de los árboles vivos y muertos efectivamente actúan como conductos de CH₄ a la atmósfera, evitando posibles procesos de oxidación sedimentaria. Se encontró, además, que las emisiones de CH₄ son mayores en los tallos de mangle muertos que las producidas por los tallos de mangle vivos.

Los cambios en el uso del suelo provocados por el conflicto están poco documentados, pero en el 2019 García, Ávila y Gutiérrez³¹, utilizaron información satelital geoambiental y datos censales sobre el uso de suelo en el Departamento de Córdoba. Aquí, los pastos y áreas agrícolas están fuertemente correlacionados con el PIB medio, cuando sus habitantes se van de lo rural a lo urbano por conflictos en su territorio, el ecosistema no se recupera debido al aumento de pastoreo. Concluyen, que para la construcción de la paz y la estabilidad de las comunidades a mediano y largo plazo son necesarios los enfoques socioambientales y de gestión que integren la planificación de los servicios territoriales y ecosistémicos.

Cabral, et al.³², en 2019, analizan genes microbianos que podrían contribuir con la resistencia a los xenobióticos, especialmente a mercurio y algunos antibióticos, en sedimento de mangle afectados por el petróleo utilizando las técnicas de metagenómica, extracción de ADN, secuenciación con Illumina HiSeq 2500 y la asignación taxonómica con el programa bioinformático MG-RAST. El producto de esta investigación fue la descripción de genes relacionados con procesos de biorremediación como el sistema de transporte de lipopolisacárido, la hidrolasa similar a la halohalogenasa halogenada, la 3-oxoacyl-[acyl-portador-proteína] reductasa y la proteína de transporte de cromato *ChrA*.

Casas y Hurtado³³, 2019, en su proyecto de grado, buscan contribuir al conocimiento de la diversidad eucariota del manglar de la bahía de Cispatá, Córdoba, utilizando la metagenómica y secuenciación por Illumina Miseq para el estudio de la región 18S del rDNA. Como resultado, obtuvieron alta diversidad eucariota con la presencia de los supergrupos *Archaeplastida* con mayor abundancia que incluye las plantas superiores, las algas verdes y rojas, SAR y *Opisthokonta*. En conclusión, el sedimento presenta mayor diversidad eucariota que

las aguas de manglar y en las zonas afectadas antropogénicamente se observó el daño en cuanto a la baja diversidad.

4. Marco teórico

4.1 Manglar

Los manglares son plantas halófitas facultativas, se caracterizan por tener determinadas condiciones de crecimiento entre las que se incluyen radiación UV, alta salinidad, baja disponibilidad de nutrientes e hipoxia a largo plazo. Los manglares han evolucionado en ambientes tropicales con suelos que tienen concentraciones de nutrientes extremadamente bajas, lo que sugiere un reciclaje altamente eficiente de nutrientes, que se regeneran por la descomposición de la hojarasca de manglar^{1,8,11}.

El manglar indio de Sundarbans es el delta más grande del mundo y cubre aproximadamente el 2.8% del área global de manglares, en él se destacan especies como *Avicennia officinalis*, *Avicennia marina* y *Avicennia alba*, como las más abundantes, seguidas de otras especies como *Sonneratia apetala*, *Aegialitis rotundifolia*, *Excoecaria agallocha*, *Bruguiera gymnorrhiza*, *Heritiera fomes* y *Aegiceras corniculatum*⁸. En la costa norte del Mar Rojo los bosques de manglar son escasos, con árboles que muestran una altura disminuida apareciendo en patrones irregulares y dispersos, son monoespecíficos y están compuestos exclusivamente por *Acivennia marina* (manglar gris)¹¹.

Las áreas más grandes de manglares se encuentran en las costas húmedas de América del Sur y América Central, en el norte de Australia y desde el sudeste asiático hasta el noroeste de India, encontrando que más de dos tercios de los manglares del mundo se encuentran repartidos en 12 países. La costa de Singapur alberga extensas áreas de humedales de manglar al igual que Filipinas que aloja al menos 39 especies de manglares donde las más dominantes son *Rhizophora*, *Sonneratia*, *Lumnitzera*, *Xylocarpus* y *Avicennia*, sin embargo, estos ecosistemas han sufrido perturbaciones tanto naturales como antropogénicas en los últimos años tras el aumento de la población y la consiguiente industrialización, por ejemplo,

algunos se caracterizan por sus fuertes actividades agrícolas, por estar cerca a rellenos sanitarios e incluso hay algunos ubicados cerca a los aeropuertos, así como también hay otros ubicados lejos de las áreas industriales o residenciales^{13,17,18,34}.

Al principio del tercer milenio la cobertura de manglares era alrededor de 150.000 kilómetros cuadrados, pero se ha demostrado una pérdida de 4.3% del área a nivel global, como resultado de la actividad antropogénica. Estos ecosistemas se encuentran en 123 países y territorios, son comunes en marismas, bancos de ríos y costas tropicales y subtropicales, caracterizados principalmente por existir en el límite de dos ambientes, donde la mayor abundancia se encuentra en las costas más húmedas. Por el contrario, en las regiones áridas, como el sur de Asia, el Medio Oriente y partes de África oriental, poseen manglares, solo que estos presentan formaciones dispersas en lugar de bosques extensos. Además, los ecosistemas de manglar son una forma especial de vegetación, en donde se encuentran diferentes especies de plantas pertenecientes a una gran variedad de familias, con la singularidad de que todas poseen tolerancia a la sal y los ácidos salobres. Los manglares han desarrollado una variedad de estrategias de supervivencia y reproducción para lidiar con su ambiente salino, turbio y cambiante^{35, 36}.

4.2. Ventajas de la protección de los manglares

Las poblaciones humanas tienen una relación histórica y tradicional con los ecosistemas de manglar, debido en gran parte a su ubicación estratégica en las costas y por proveer una gran variedad de servicios que contribuyen en los procesos de supervivencia. Los manglares han demostrado ser un recurso económico valioso, así como una zona importante para la reproducción y cría de diversas especies de animales, incluso se ha llegado a estimar que gran parte de las poblaciones de peces tropicales en el mundo dependen de las áreas de manglar y sus detritos por brindarles alimento y refugio, además, traen consigo ventajas entre las que se incluyen estabilidad de las tierras costeras y protección contra tormentas, tsunamis y el aumento del nivel del mar. Más del 90% de los manglares del mundo se encuentran en países en desarrollo, en donde muchas poblaciones humanas dependen exclusivamente de sus recursos para subsistir^{1,10}. Entre algunas de sus funciones ecológicas se encuentran la filtración y reducción de nutrientes

disueltos, ser sumidero de carbono, nitrógeno y fósforo, ayudar en la retención de metales pesados de tierras adyacentes, proporcionar nutrientes y hábitat para microorganismos^{24,37}.

De igual manera, los manglares son utilizados, entre otras cosas, como suministro de material de construcción, leña, carbón, alimentos y medicinas. Existe un equilibrio entre el complejo sistema biológico que representan los manglares y las personas locales que explotan el ecosistema sin destruirlo, sin embargo, en las últimas décadas el aumento de la población, la necesidad de producción de alimentos a gran escala, el desarrollo industrial y urbano han llevado a la destrucción de una proporción significativa de los recursos de manglar en todo el mundo. Estos han sido sobreexplotados para la producción de madera, papel y obtención de carbón, también, para proporcionar tierras para la construcción de minas, puertos, centros turísticos y viviendas. La explotación de los manglares para obtener ganancias a corto plazo ha sido irreversiblemente destructiva³⁵.

4.3. Los manglares en Colombia y Córdoba

Estudios recientes resaltan la importancia global de los manglares colombianos en términos de extensión, bajas tasas de deforestación, particularmente en la costa Pacífica, y por ser grandes reservas de carbono. El conocimiento actual de la biogeografía de los manglares colombianos se ha obtenido a partir del análisis de estudios independientes realizados en diferentes regiones y a lo largo de las últimas tres décadas. Heliodoro Sánchez-Páez fue director de la División de Parques Nacionales en el antiguo Instituto Nacional de los Recursos Naturales Renovables y del Ambiente (Inderena), antes de la creación del Ministerio de Medio Ambiente de Colombia en 1993. Él y sus colaboradores fueron los líderes responsables del mayor inventario nacional de manglares realizado hasta ahora en el país por el Ministerio del Medio Ambiente, recopilado a mediados de la década de 1990 con fondos de la International Tropical Timber Organization (ITTO), en un proyecto que se denominó "*proyecto manglares de Colombia*"².

Colombia es un país único y de importancia mundial en términos de manglares. Es el único país de América del Sur con costas en los océanos Pacífico (1200 km) y el mar caribe (> 1800 km), que tienen diferencias fisionómicas principalmente debido a

las tasas de precipitación anual; en términos generales tales patrones de lluvia, mareas y geomorfología local producen manglares con diferentes estructuras y variada composición de especies.^{2,10} La temperatura promedio en estas áreas del país varía entre los 25°C y 27°C, rara vez supera los 30°C, existiendo una diferencia entre la temperatura nocturna y diurna de alrededor de 12°C. Estas características climáticas contribuyen con el desarrollo de vegetación diversa y abundante, entre los que se incluyen las especies vegetales de los ecosistemas de manglar que alcanzan hasta los 40m de altura². Sin embargo, Polanía, Urrego y Agudelo¹⁰ resaltan un estudio global sobre la altura de los manglares que colocó al país entre los 5 mejores, informando árboles que superan los 50m en algunos lugares en Cauca y Nariño. La variedad de climas, que van desde el súper húmedo hasta el desierto a lo largo del gradiente latitudinal Sur-Norte, posibilita el crecimiento de manglares altos en Nariño, Cauca, Pacífico y en las cercanías con Ecuador, y manglares enanos en las proximidades con el Golfo de Maracaibo en Venezuela y la Península de la Guajira¹⁰.

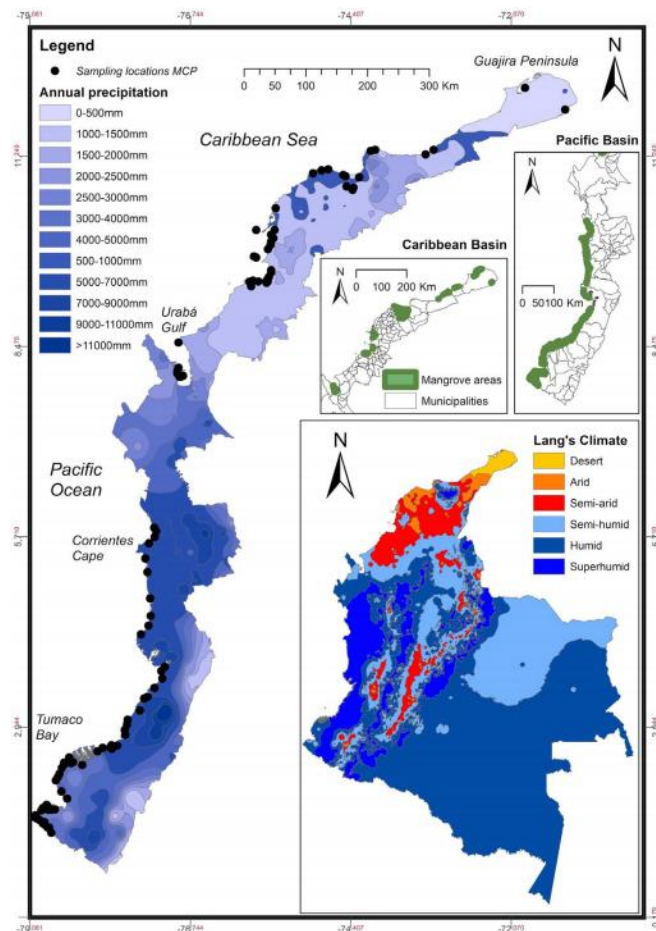


Figura 1. Distribución de los manglares colombianos y su relación con las precipitaciones anuales y el clima.

Tomado de Blanco y Álvarez. "Mangroves of Colombia revisited in an era of open data, global changes, and socio-political transition: Homage to Heliodoro Sánchez-Páez". 2019².

Colombia se encuentra en el extremo noroeste de América del Sur con 928,660 km² de aguas marinas que representan el 45% del territorio colombiano, por esto, se han aumentado las AMP (Áreas Marinas Protegidas) que tienen como fin la conservación y sostenibilidad de estas áreas, usadas como estrategias para preservar la biodiversidad¹⁹.

La Bahía de Cispatá en San Antero, Córdoba, es un ecosistema muy productivo que alberga las áreas de manglares más extensas de la región y aloja diversas especies entre las que se encuentran aves del Delta del Río Sinú, sin embargo, se ha visto afectado debido al uso de fertilizantes químicos, herbicidas y pesticidas por la entrada de aguas residuales domésticas, derrames de sustancias nocivas como hidrocarburos y metales pesados²². Durante los últimos 50 años, varios grupos armados ilegales convergieron en el departamento de Córdoba, lo que resultó en pérdida de tierras para los habitantes y mal uso del ecosistema, empleado con el único fin de obtener ganancias y perjudicando los procesos de preservación que se tenían en este³¹. En consecuencia, el Ministerio del Medio Ambiente y Desarrollo ha efectuado una serie de leyes y resoluciones relacionadas con el manejo, uso y conservación de los ecosistemas de manglar, como se observa en el anexo 1³⁸.

4.4. Microbiota de los manglares y su importancia

Para estudiar la diversidad microbiana de un ambiente específico, la ciencia que actualmente se utiliza es la metagenómica, que permite tener una visión más amplia sin necesidad de cultivar los microorganismos para llegar a caracterizarlos y que consta de: (I) Recolección de la muestra de interés; (II) Aislamiento del ADN metagenómico; (III) Luego, puede tomar tres vías: a) aislamiento por PCR de la región 16S, 18S ó ITS del ADNr, b) digestión y clonación en vectores de expresión, y/o c) secuenciación directa de la muestra, siendo la más utilizada la secuenciación de próxima generación como las plataformas de Illumina HiSeq y MiSeq; por último, (IV) se analizan los datos obtenidos en busca de actividades de interés mediante

análisis bioinformático, en donde las plataformas más utilizadas son KEGG, COGs, Megan 5.0, STAMP, Microbiome analyst, entre otras⁴.

El ecosistema de manglar está asociado con una amplia gama de beneficios ecológicos, como ser una fuente importante de materia orgánica terrestre para los océanos y ser un punto importante en términos de biodiversidad bastante conocido, pero poco estudiado. Los microorganismos son un componente principal de esta biodiversidad, donde el 91% de la biomasa microbiana total está conformada por hongos y bacterias, mientras que los protozoos y las algas constituyen un 2% y 7%, respectivamente¹³.

Un estudio en los manglares del estado de São Paulo, Brasil, reveló que el dominio de las secuencias bacterianas de los grupos microbianos presentes en los sedimentos estaban afiliados principalmente a Delta / Epsilonproteobacteria y Gammaproteobacteria. Otros grupos menos abundantes fueron Alphaproteobacteria y Bacteroidetes, seguidos de Firmicutes, Actinobacteria y Archaea (principalmente Euryarchaeota metanogénico). Los grupos más pequeños fueron Cyanobacteria, Acidobacterias, Chloroflexi, Fibrobacteres y Eukarya⁵. En cuanto a la abundancia fúngica, un estudio realizado en los manglares de la costa norte del Mar Rojo revela que las comunidades fúngicas están dominadas por Ascomycota y Basidiomycota¹¹.

En un análisis de las comunidades de bacterioplancton realizado en Sundarbans, el bosque de manglar más grande del mundo, indicó la presencia de numerosos filos como Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y en una mayor abundancia Proteobacteria. Para el humedal de manglar de Bamenwan en Hainan, China, se ha informado que los filos más abundantes corresponden a Proteobacteria, Actinobacteria, Chloroflexi, Acidobacteria, Firmicutes, Bacteroidetes, Gemmatimonadetes, Cyanobacteria, Nitrospirae, y Chlorobi. Además, tanto en estos dos manglares como en otros de la India, Filipinas, Brasil y China se han encontrado bacterias como *Bacillus* sp., *Bacillus cereus*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus pumilus*, *Bacillus polymyxa*, *B. mycoides*, *B. brevis*, *Pseudomonas* sp., *Pseudomonas aeruginosa*, *Paenibacillus* sp. y *Klebsiella ozaenae* que degradan la celulosa del manglar^{20,21,39}. También, en la Reserva Natural Mai Po, ubicada en Hong Kong, se observa una abundancia de los siguientes cinco filos bacterianos: Proteobacteria,

Chloroflexi, Bacteroidetes, Cyanobacteria y Planctomycetes, en donde los subgrupos más destacados del primer filo son Deltaproteobacteria y Gammaproteobacteria. En cuanto a la evaluación de la comunidad arqueal se observan los filos Thermoplasmata, Bathyarchaeota, Euryarchaeota y Crenarchaeota²⁴.

Para el caso de Colombia, más específicamente en el manglar de la bahía de Cispatá, Córdoba, se encuentran bacterias Gram negativas del filo Proteobacteria como las Gammaproteobacteria, Alphaproteobacteria, Epsilonproteobacteria y Deltaproteobacteria, que participan por medios diversos en los ciclos del nitrógeno, azufre y carbono, proporcionando así, la degradación de materia orgánica del manglar²⁷.

El reciclaje de nutrientes por parte de las comunidades microbianas suele ser un proceso eficiente y estable, siempre que no sea perturbado, la interrupción de los procesos que se llevan a cabo en los sedimentos, causada por perturbaciones naturales y provocadas por el hombre, casi siempre ocasiona cambios en la composición y los ciclos de crecimiento de la microbiota, lo que conduce a la pérdida de nutrientes y la posible lixiviación de subproductos microbianos tóxicos, es decir, la alteración del sedimento de manglar conduce a la liberación de ácido sulfúrico y a la oxidación de la pirita (FeS_2), el cual es un compuesto característico en los sedimentos anaeróbicos⁴⁰.

Otras perturbaciones comunes, como por ejemplo las aguas residuales, derrames de petróleo, desechos animales de los estanques de acuicultura, por nombrar algunas, cambiarán un sistema aeróbico-anaeróbico de descomposición saludable, que se lleva a cabo en el manglar, a un sistema anaeróbico completo, que es menos eficiente y lento en el reciclaje de nutrientes, dando como resultado la acumulación y liberación de sulfuros tóxicos⁴⁰. La actividad y abundancia bacteriana están reguladas naturalmente dentro del ecosistema de manglar, por ejemplo, las concentraciones de taninos, lixiviado de la hojarasca de manglar, juega un papel importante en este proceso. El aumento de la concentración de taninos se asocia con la disminución de los recuentos bacterianos, por lo que su función en el

ecosistema no solo es mantener bajo el conteo bacteriano sino también en mantener bajas las actividades dañinas de los patógenos virulentos⁴¹.

La materia orgánica es la fuente primaria de alimento para los microorganismos, está conformada por la degradación de material biológico formando las sustancias húmicas (SH) que se componen de ácidos húmicos (AH), ácidos fúlvicos (AF) y huminas residuales (HR), macromoléculas que desempeñan un papel importante en el ciclo global del carbono y nitrógeno, al igual que en la regulación de la movilidad de nutrientes y contaminantes ambientales; se ha considerado importante su presencia, debido a que estimulan el crecimiento celular y su bioactividad está relacionada con un mayor contenido de grupos nitrogenados en su estructura, muy parecida a la actividad de promoción de crecimiento del ácido indol acético⁴².

De acuerdo a lo anterior, la microbiota de manglar está compuesta por una combinación de microorganismos terrestres, marinos y de agua dulce, por lo que se debe tener en cuenta que todos cumplen funciones que aportan al desarrollo del ecosistema, entre las que se encuentran el flujo de energía y nutrientes, facilitar los ciclos de carbono, azufre, nitrógeno y fósforo, así como también, promover el crecimiento de las plantas mediante la generación de fitohormonas y sideróforos.

4.5. Ciclo del carbono y su relación con el manglar

Las transformaciones del carbono en los sedimentos del ecosistema de manglar están influenciadas principalmente por genes asociados a la metanotrofia y se han descrito rutas relacionadas con la transformación adicional del metanol en formaldehído y luego en formiato, lo que conlleva a encontrar genes relacionados con la respiración aeróbica y anaeróbica de los microorganismos en respuesta a la alta generación de dióxido de carbono, principalmente del metabolismo de la trimetilamina (un precursor del óxido de trimetilamina), que se convierte en formaldehído y luego genera formiato. Es posible encontrar, además, una alta prevalencia de genes implicados en la transformación de dióxido de carbono a monóxido de carbono y luego en acetil-CoA. Las Deltaproteobacterias (*Desulfobacteraceae*, *Desulfobulbaceae*, *Desulfovibrionaceae*, *Geobacteraceae*,

Syntrophaceae y *Syntrophobacteraceae*) son bastante representativas en las transformaciones de metano⁵.

En lo descrito para los manglares de Singapur, mediante un estudio de metagenómica, se encontró una prevalencia de la familia mesofílica metilotrónica Methanosarcinaceae, en donde la especie más abundante correspondió a *Methanlobus profundus* que juega un papel primordial en la conversión de etilo para metano. Además, se encontró la presencia de *Methanococcoides methylutens*, del cual se ha informado es un importante metilotrónico metanogénico en los sedimentos de manglares tropicales. Se reportó, también, la presencia de *Methanobacterium bryantii mrtA*, un metanógeno hidrogenotrófico y de la bacteria *Methanosarcina spelaei*. Asimismo, se encontraron cuatro órdenes de metanógenos entre los que se incluyen Methanobacteriales, Methanococcales, Methanomicrobiales hidrogenotróficos y Methanosarcinales potencialmente acetoclásticos / metilotrónicos¹³. Se ha especificado que del filo Proteobacteria la clase Alphaproteobacteria se destaca por participar en la fotosíntesis oscura y la metilotrofía, de igual manera la clase Epsilonproteobacteria la cual desempeña un papel importante en el ciclo de diversos nutrientes que contienen carbono, azufre y nitrógeno²⁸.

El ciclo global del carbono consta de tres principales reservas de carbono: la atmosférica, la oceánica y la terrestre. El primer paso del ciclo del carbono lo comprende la fotosíntesis, proceso por el cual los fotótrofos, como las cianobacterias, las plantas, las algas y las bacterias sulfurosas verdes y púrpuras fijan o incorporan dióxido de carbono inorgánico en sustancias orgánicas mediante el empleo de la energía solar. En el siguiente paso del ciclo los quimioheterótrofos, como los animales y los protozoos, se alimentan de los autótrofos y a su vez sirven de alimento a otros animales. Así, los compuestos orgánicos que hacen parte de los autótrofos se digieren y se sintetizan nuevos productos, proceso en el que los átomos de carbono se transfieren de un organismo a otro en la cadena alimenticia. Los quimioheterótrofos obtienen la energía que necesitan a partir de algunas moléculas orgánicas, esta energía se libera a través de la respiración y el dióxido de carbono inorgánico vuelve a estar disponible de inmediato para que se inicie nuevamente el ciclo. Aunque gran parte del carbono se retiene y hace parte de los

organismos, una parte se libera mediante la excreción o vuelve al medio cuando el organismo muere. Es aquí, en donde las bacterias y los hongos descomponen estos compuestos, proceso en donde el material orgánico se oxida y el dióxido de carbono retorna al ciclo. El carbono, además, se almacena en rocas, como la piedra caliza, por un proceso de mineralización que ocurre principalmente en los ecosistemas marinos, en donde queda retirado del ciclo durante miles y millones de años y se incorpora lentamente cuando se van disolviendo los carbonatos cálcicos en los océanos. También existen grandes depósitos de sustancias orgánicas fósiles en forma de combustibles fósiles, como el carbón y el petróleo⁴³.

4.6. Ciclo del nitrógeno y su relación con el manglar

El metabolismo del nitrógeno en los sedimentos del ecosistema de manglar está relacionado con la presencia de genes involucrados en la inmovilización y mineralización de nitrógeno. Además, se han descrito mecanismos distintos para la transformación de nitrato relacionados con la reducción desasimilatoria de nitrato (DRNA) y la transformación de nitrato en óxido nítrico, óxido de dinitrógeno y luego en nitrógeno (desnitrificación). En general, el equilibrio de dichas vías es influenciado por parámetros ambientales entre los que se incluyen oxígeno, temperatura, disponibilidad de nitrato y contenido presente de materia orgánica en el sedimento. La mayoría de los microorganismos identificados en las transformaciones del nitrógeno corresponden al filo Planctomycetes y Proteobacteria con las clases Alphaproteobacteria, Betaproteobacteria y Deltaproteobacteria⁵. En el manglar de Sundarbans, en India, también se encontró abundancia de bacterias fijadoras de N₂, identificadas como *Klebsiella* sp., *Azotobacter* sp., *Pseudomonas* sp. y *Bacillus* sp.⁸

Los Rhizobiales descritos en manglares de China, se encuentran tanto en la rizosfera como en el sedimento, estos se componen de bacterias fijadoras de nitrógeno y simbioses vegetales que tienen la característica de ser muy versátiles metabólicamente siendo capaces de degradar compuestos aromáticos, además de promover el crecimiento de las plantas; los principales Rhizobiales descritos corresponden a Anaerolineales, Gemmatimonadales, Nitrospira, Syntrophobacterales³⁹.

Los procesos microbianos en la dinámica del nitrógeno dependen en gran medida del potencial redox del sedimento. El metabolismo bioquímico del nitrógeno consta de cuatro clases de reducción (fijación de nitrógeno, reducción asimilatoria y disimilatoria de nitrato y desnitrificación) y dos clases de oxidación (nitrificación y oxidación anaeróbica de amoníaco (anammox)). La nitrificación se da únicamente bajo condiciones oxigénicas, mientras que la desnitrificación, oxidación anaeróbica de amoníaco (anammox) y reducción disimilatoria de nitrato (DNRA) suceden en condiciones anóxicas^{9,23}.

El ciclo comienza con la fijación del nitrógeno que se lleva a cabo por bacterias que poseen nitrogenasas, enzimas que rompen el triple enlace del nitrógeno molecular y producen amonio, la única manera en que los organismos pueden obtener nitrógeno directamente de la atmósfera, el cual será incorporado en las proteínas y otros compuestos de nitrógeno orgánico, ya sea por la planta, la bacteria, o por otro organismo del suelo, en este paso está involucrado el gen *nifH*, que codifica la subunidad hierro-proteína de la nitrogenasa. El nitrógeno que entró como materia orgánica o proteína se convierte en nitrógeno inorgánico, mineralización del nitrógeno, dado principalmente por la deaminación y degradación de esa materia orgánica; seguido viene la nitrificación que consiste en la oxidación del amonio a nitrito, proceso atribuido a bacterias oxidantes del amoníaco (BOA) como los géneros *Nitrosomonas*, *Nitrosospira*, y *Nitrosococcus* que pertenecen al filo Proteobacteria, o arqueas oxidantes de amoníaco (AOA); el gen *amoA* codifica la subunidad A de la enzima amonio monoxigenasa (AMO), la cual cataliza el primer paso de la oxidación del amonio. Posteriormente, suceden la oxidación de nitrito a nitrato, proceso mediado por bacterias oxidantes de nitrito (BON) o arqueas, y la oxidación biológica del amonio en condiciones anaeróbicas llevada a cabo por las bacterias denominadas anammox, principalmente, las que se encuentran en el filo Planctomycetes. Finalmente, la desnitrificación, en donde se devuelve el nitrógeno fijado a la atmósfera por procesos de respiración microbiana, se realiza a través de la reducción desasimilatoria de nitratos (NO^{3-}) y nitritos (NO^{2-}) a óxido nitroso (N_2O) y nitrógeno molecular (N_2); la desnitrificación también involucra la reducción asimilatoria del nitrito para convertirlo en amonio e incorporarlo al metabolismo celular⁴⁴.

5. Diseño metodológico

5.1. Tipo de investigación

Esta investigación es de tipo documental descriptiva, explicativa y exploratoria, en donde se analizaron, sintetizaron y se integraron los resultados de investigaciones publicadas a partir de una cuidadosa revisión bibliográfica teniendo en cuenta artículos de investigación, artículos de revisión, tesis, páginas web, libros, revistas y diferentes estudios de carácter científico para poder recopilar la mayor información posible con la finalidad de dar cuenta sobre el estado del conocimiento del tema seleccionado; en la recopilación de información se consideran fuentes a nivel nacional, internacional y en los idiomas español e inglés.

5.2. Universo, población y muestra

5.2.1. Universo

Literatura científica, bases de datos bibliográficas, artículos, libros, trabajos de grado, páginas web e información obtenida de entidades nacionales e internacionales acerca de los ecosistemas de manglar y los ciclos biogeoquímicos.

5.2.2. Población

Literatura científica, bases de datos bibliográficas, artículos, libros, trabajos de grado, páginas web e información obtenida de entidades nacionales e internacionales acerca de los ecosistemas de manglar y los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno.

5.2.3. Muestra

Literatura científica, bases de datos bibliográficos, artículos, libros, trabajos de grado, páginas web e información obtenida de entidades nacionales e internacionales acerca de la influencia de la comunidad procariota en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en ecosistemas de manglar.

6. Metodología

6.1. Revisión bibliográfica.

Se consultó información de carácter científico utilizando las bases de datos *ScienceDirect*, Scielo, Redalyc, NCBI, *ResearchGate*, *NISCAIR Online Periodicals Repository*, *Microbiology Society*, PubMed, *Springer* y *Wiley*. Además, se tuvo en cuenta la información relevante obtenida de páginas web, en donde se utilizaron los buscadores Google y Google Scholar.

6.2. Selección del material bibliográfico.

Inicialmente se hizo un filtro en las bases de datos utilizando operadores lógicos o booleanos como OR y AND, + y -, Y y O, además de las palabras clave: manglar, manglares de Colombia, ciclo del carbono, ciclo del nitrógeno, microbiota de manglar, metagenómica de ecosistemas de manglar, normativa de manglares en Colombia, situación sociopolítica en córdoba y microorganismos en sedimentos de manglar. Posterior a esto, se realizó un segundo filtro, en donde se seleccionó el material que contiene los temas principales que se abordan en este trabajo: manglar, ventajas en la protección de los manglares, los manglares en Colombia y Córdoba, microbiota de los manglares y su importancia, ciclo del carbono y su relación con el manglar y ciclo del nitrógeno y su relación con el manglar. Finalmente, la información seleccionada se organizó y se tabulo como se observa en la tabla 1 (ver información completa en el anexo 2).

6.3. Elaboración de la estructura del documento.

Una vez recopilada la información que contiene los temas principales para elaborar este documento, se procedió a leer detalladamente. Terminado este proceso, con

base en la diversidad procariota del manglar de la bahía de Cispatá, en San Antero, Córdoba, descrita por Abril, Alfonso, Arango y Bermúdez²⁷, se realizó un análisis específico de los microorganismos que están relacionados directamente con los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en el manglar de la bahía de Cispatá como se observa en la tabla 2 (ver información completa en el anexo 3).

7. Resultados

7.1. Revisión bibliográfica.

La información se consultó en 10 bases de datos y 3 páginas web utilizando las palabras clave y operadores booleanos descritos en la metodología. Se revisaron 678 referencias de las cuales se seleccionaron 226 que contenían los temas principales que se abordan en este trabajo.

7.2. Selección del material bibliográfico.

Una vez seleccionadas las 226 referencias, se organizaron en temas de interés entre los que se incluyen manglar, ventajas en la protección de los manglares, manglares en Colombia y Córdoba, microbiota de los manglares y su importancia, ciclo del carbono y su relación con el manglar y ciclo del nitrógeno y su relación con el manglar, como se muestra en la figura 2.

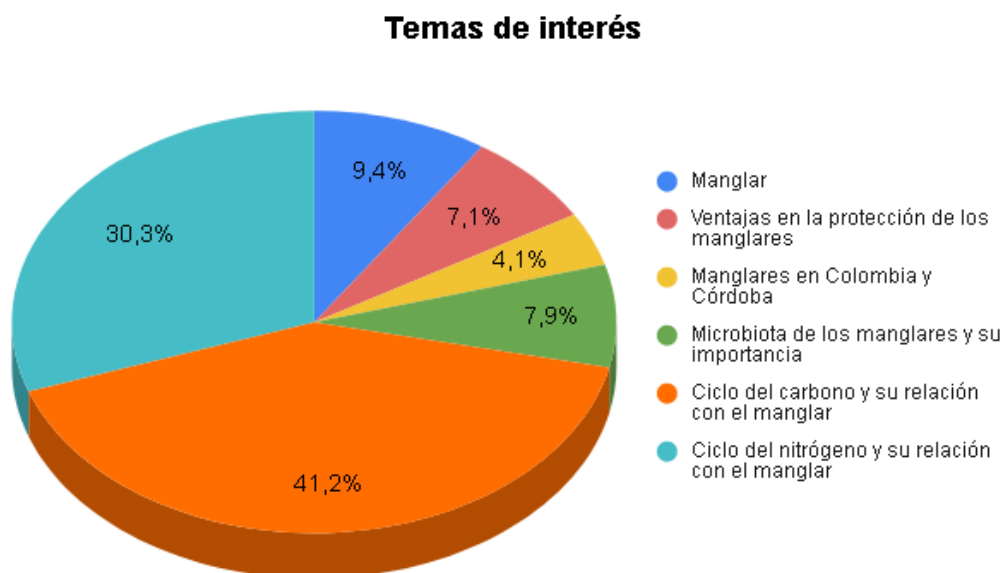


Figura 2. Temas principales que se abordan en este trabajo. Fuente: elaboración propia.

De las 226 referencias consultadas se observó que la base de datos con mayor información de interés es la de *Microbiology Society*, seguida de *ScienceDirect* y *NCBI*, a diferencia de *NISCAIR Online Periodicals Repository* que fue la base de datos con menor información (figura 3).

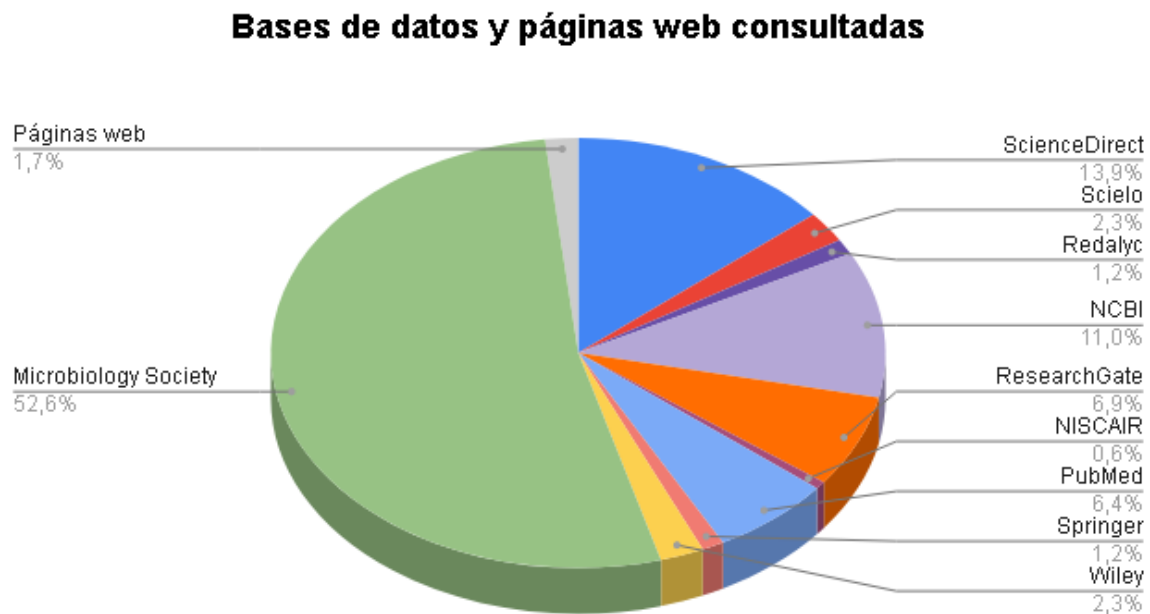


Figura 3. Bases de datos y páginas web utilizadas para la consulta de información. Fuente: elaboración propia.

También se tuvo en cuenta si la información consultada correspondía a trabajos de grado, páginas web, libros, artículos de investigación o artículos de revisión, en donde el mayor porcentaje de información consultada corresponde a artículos de investigación, seguido de artículos de revisión, libros y en un menor porcentaje páginas web y trabajos de grado (figura 4). Además, se identificó el idioma de publicación, en donde el 95% corresponde a publicaciones en el idioma inglés y el 5% en el idioma español (figura 5).

Clasificación de referencias bibliográficas

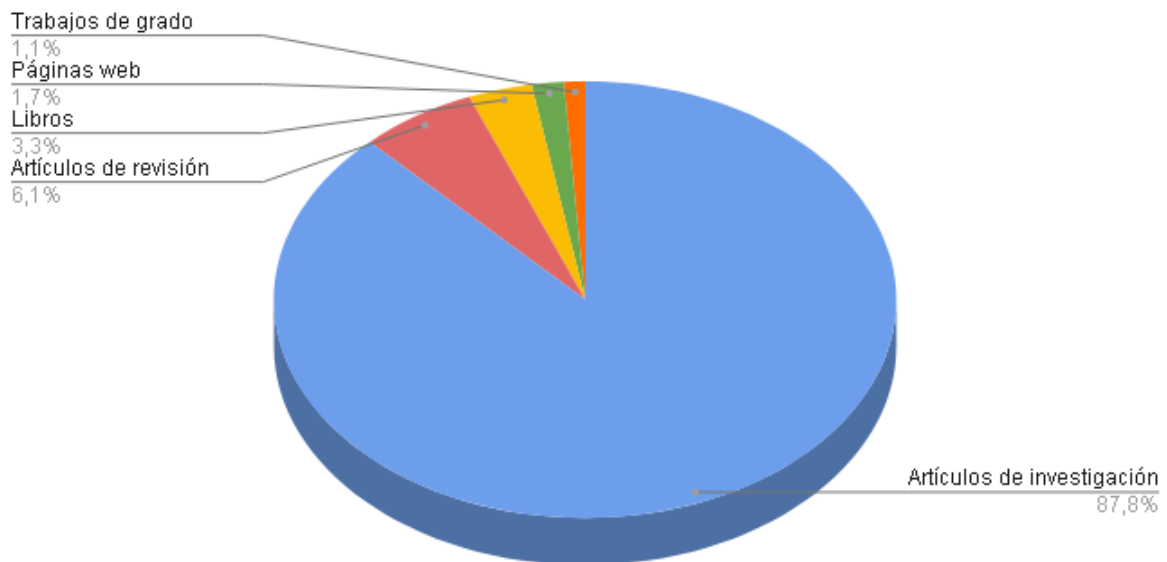


Figura 4. Clasificación de referencias bibliográficas. Fuente: elaboración propia.

Idioma de publicación

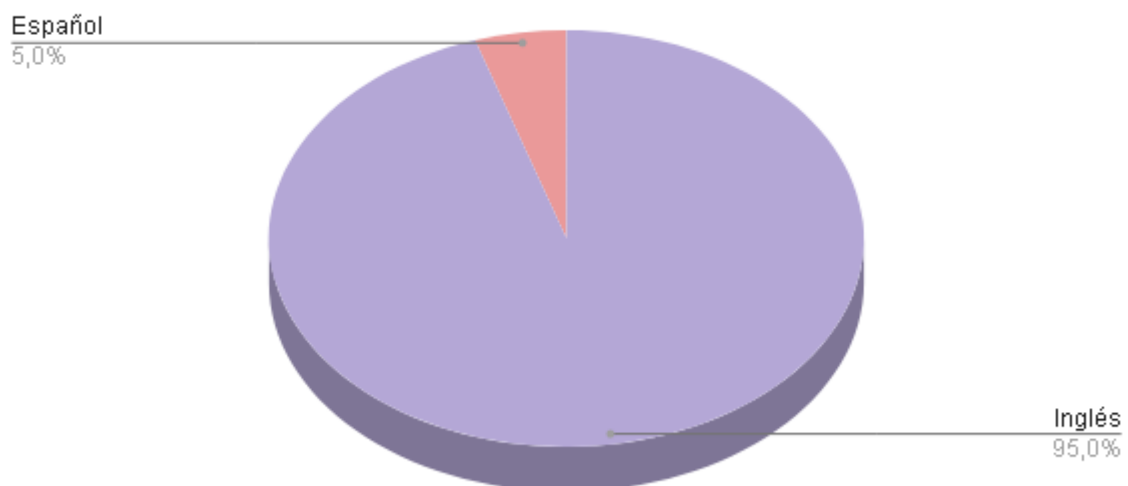


Figura 5. Idioma de prevalencia de las publicaciones consultadas. Fuente: elaboración propia.

Por último, con base en la revisión bibliográfica analizada para la elaboración del trabajo, se seleccionaron artículos, libros, páginas web y trabajos de grado que

abordaban los temas principales, la información seleccionada fue evaluada y tabulada teniendo en cuenta el autor, título, país donde se realiza la investigación, país de publicación, idioma, año, área del conocimiento de la revista que lo publica, tipo de material y la base de datos en donde se encontró, como se observa en la tabla 1 (ver información completa en el anexo 2).

Tabla 1. Artículos seleccionados que contienen los temas principales. Fuente: elaboración propia.

TÍTULO	AUTOR(ES)	PAÍS DONDE SE REALIZA LA INVESTIGACIÓN	PAÍS DE PUBLICACIÓN	IDIOMA	AÑO	ÁREA DE CONOCIMIENTO DE LA REVISTA QUE PUBLICA	TIPO DE MATERIAL	BASE DE DATOS
Conservación y uso sostenible de los manglares del caribe colombiano	Sanchez H, Ulloa G, Alvarez R.	Colombia	Colombia	Español	1998	Ciencias ambientales	Libro	-
Mangroves of Colombia revisited in an era of open data, global changes, and socio-political transition: Homage to Heliodoro Sánchez-Páez	Blanco J, Álvarez R	Colombia	Colombia	Inglés	2019	Ciencias Exactas, Físicas y Naturales	Artículo	Scielo
Los manglares de Colombia y la recuperación de sus áreas degradadas: revisión bibliográfica y nuevas experiencias	Álvarez R.	Colombia	México	Español	2003	Ciencias ambientales	Artículo	Redalyc
Metagenómica de suelos: grandes desafíos y nuevas oportunidades biotecnológicas.	Hernández R, Velázquez I, Orozco M, Santoyo G	México	Estados Unidos	Español	2010	Botánica y biología	Artículo	ResearchGate
The Microbiome of Brazilian Mangrove Sediments as Revealed by Metagenomics	Andreato F, Jiménez D, Chaves D. et. al.	Brasil	Estados Unidos	Inglés	2012	Ciencias, ingeniería, medicina y ciencias sociales	Artículo	NCBI
Transcriptome Characterization and Sequencing-Based Identification of Salt-Responsive Genes in <i>Millettia pinnata</i> , a Semi-Mangrove Plant	Huang J, Lu X, Yan H, Chen S, Zhang W, Huang R	China	Japon	Inglés	2012	Biología molecular y genoma	Artículo	NCBI
Microbial diversity and biogeochemical cycling in soda lakes	Sorokin D, Berben T, Melton E, Overmars L, Vavourakis C, Muyzer G	Países bajos	Alemania	Inglés	2014	Microbiología	Artículo de revisión	NCBI
Biogeochemical cycle of nitrogen in a tropical mangrove ecosystem, east coast of India	Ray R, Majumder N, Das S, Chowdhury C, Kumar T	India	Estados Unidos	Inglés	2014	Ciencias marinas	Artículo	ScienceDirect
Effects of increased summer flooding on nitrogen dynamics in impounded mangroves	Verhoeven J, Laanbroek H, Rains M, Whigham D	Estados Unidos	Estados Unidos	Inglés	2014	Ciencias ambientales	Artículo	ScienceDirect

7.3. Elaboración de la estructura del documento.

Con base en la revisión del trabajo elaborado por Abril, Alfonso, Arango y Bermudez²⁷, se realizó el análisis de los microorganismos procariontes involucrados en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en el manglar de la bahía de Cispatá, San Antero, Córdoba, Colombia; los datos encontrados para cada uno de los microorganismos se tabularon teniendo en cuenta filo, microorganismo, ciclo al que pertenece, función dentro del ciclo, donde se encontró y referencia consultada, como se observa en la tabla 2 (ver información completa en el anexo 3).

Tabla 2. Microorganismos procariotas encontrados de sedimento y agua del ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá relacionados con los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno. Fuente: elaboración propia.

FILO	MICROORGANISMO	CICLO AL QUE PERTENECE	FUNCIÓN DENTRO DEL CICLO	HÁBITAT	REFERENCIA
Euryarchaeota	<i>Methanobacterium arcticum</i>	Carbono	Metanógeno mesofílico, no móvil, hidrogenotrófico. Utiliza H ₂ / CO ₂ y formiato para el crecimiento y generación de metano, pero no de etilo, metanol, etanol, 2-propanol, 2-butanol, metilaminas, metanol / H ₂ o metilamina / H ₂ . El crecimiento no es estimulado por el acetato.	Sedimento	Shcherbakova V, Rivkina E, Pecheritsyna S, Laurinavichius K, Suzina N, Gilichinsky D. ⁴⁸ Disponible en: https://doi.org/10.1099/rjs.0.021311-0
Euryarchaeota	<i>Methanobacterium bryantii</i>	Carbono	Metanógeno aceticlástico. Utiliza H ₂ /CO ₂ , no es capaz de metabolizar el formiato.	Sedimento	Guyott J, Brauman A. ⁴⁹ Disponible en: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC239251/
Euryarchaeota	<i>Methanoculleus taiwanensis</i>	Carbono	Metanógeno mesófilo, hidrogenotrófico. Utiliza formiato y H ₂ / CO ₂ , pero no acetato, alcoholes secundarios, metilaminas, metanol y etanol.	Sedimento	Weng Y, Chen S, Lai M, Wu S, Lin S, Yang T, et al. ⁴⁷ Disponible en: https://doi.org/10.1099/rjs.0.000062
Euryarchaeota	<i>Methanosaeta harundinacea</i>	Nitrógeno - Carbono	Metanógeno aceticlástico. Realiza la metanogénesis, la extensión de cadena del ácido 2-oxocarboxílico, la biosíntesis de la coenzima 420, presenta el completo CO deshidrogenasa / acetil-CoA sintasa y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamato sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH).	Sedimento	KEGG <i>Methanosaeta harundinacea</i> . ⁴⁸ Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=msm
Euryarchaeota	<i>Methanolobus profundus</i>	Carbono	Metanógeno mesofílico, metilotrófico, ligeramente halófilo. Produce metano a partir de metanol, monometilamina, dimetilamina y trimetilamina, pero no a partir de H ₂ / CO ₂ , formiato, acetato, etanol o sulfuro de dimetilo.	Sedimento	Mochimaru H, Tamaki H, Hanada S, Imachi H, Nakamura K, Sakata S, Kamagata Y. ⁴⁹ Disponible en: https://doi.org/10.1099/rjs.0.001677-0

De acuerdo con el análisis realizado, de un total de 3.215 OTU se seleccionaron 299 microorganismos procariotas de los cuales se conocían el género y especie, donde se excluyeron los que no hacían parte de los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno, aquellos que no se han estudiado y aún no hay suficiente información y los que no se encontraron en agua y sedimento del ecosistema de manglar; finalmente, se evaluaron un total de 157 microorganismos procariotas que cumplen una función dentro de los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno (figura 6).

Secuencias analizadas

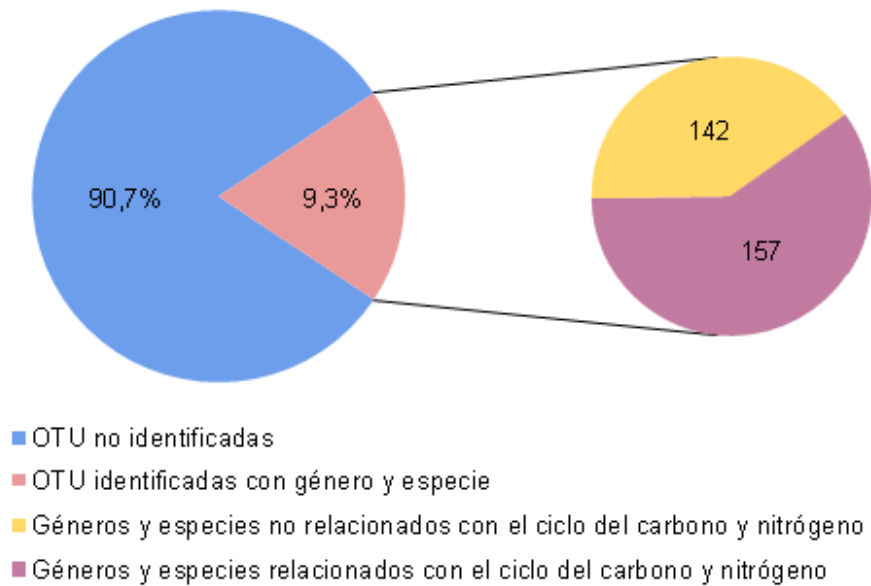


Figura 6. Secuencias analizadas de un total de 3.215 OTU para el manglar de la bahía de Cispatá.. Fuente: elaboración propia.

Los géneros y especies relacionados con los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno, fueron organizados según el filo taxonómico al que pertenecen (figura 7); además, se clasificaron en alguno de los dos ciclos biogeoquímicos (figura 8), ubicando unos dentro del ciclo del carbono, otros dentro del ciclo del nitrógeno y otros que desempeñan funciones en ambos ciclos; adicionalmente, se tuvo en cuenta si los microorganismos se encontraron en sedimento y agua de manglar, o en ambos hábitats (figura 9).

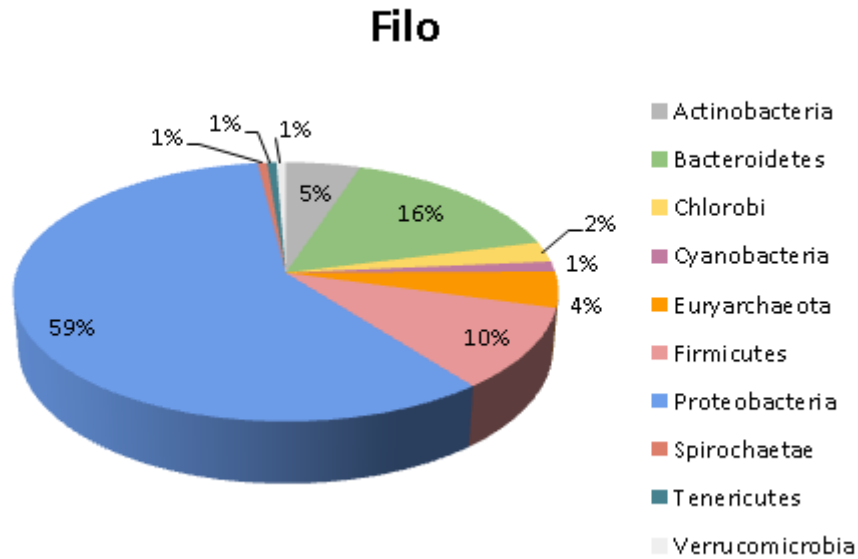


Figura 7. Filos de los microorganismos procariotas involucrados en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá. Fuente: elaboración propia.

Microorganismos procariotas involucrados en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno

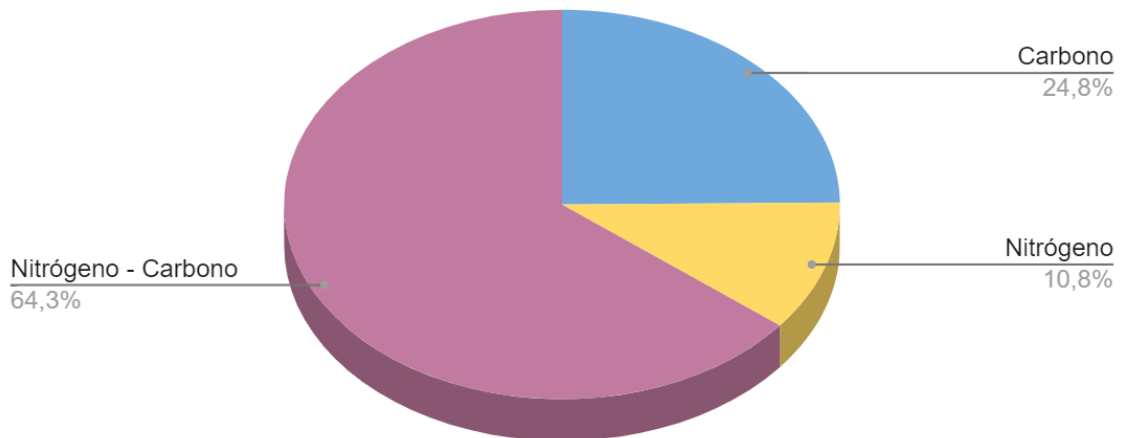


Figura 8. Microorganismos procariotas involucrados en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá. Fuente: elaboración propia.

Hábitat donde se encontró el microorganismo

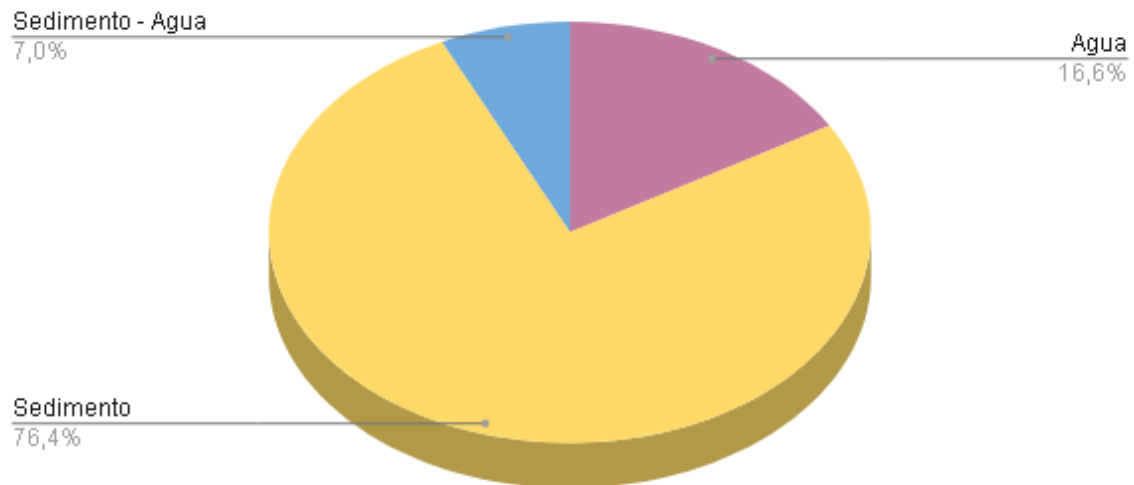


Figura 9. Hábitat donde se encontraron los microorganismos procariontes involucrados en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá. Fuente: elaboración propia.

Por último, se identificaron 38 microorganismos procariontes con género y especie, que presentan alguna capacidad de biorremediación o están registrados en la plataforma KEGG, en la cual se observan las diferentes rutas metabólicas en las que están involucrados, permitiendo así, esquematizar las rutas implicadas en los ciclos biogeoquímicos del carbono y el nitrógeno, evidenciando que algunos de ellos cumplen funciones completas e importantes para su desarrollo (figuras 10, 11 y 12).

Microorganismos procariontes que desempeñan una función importante en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno

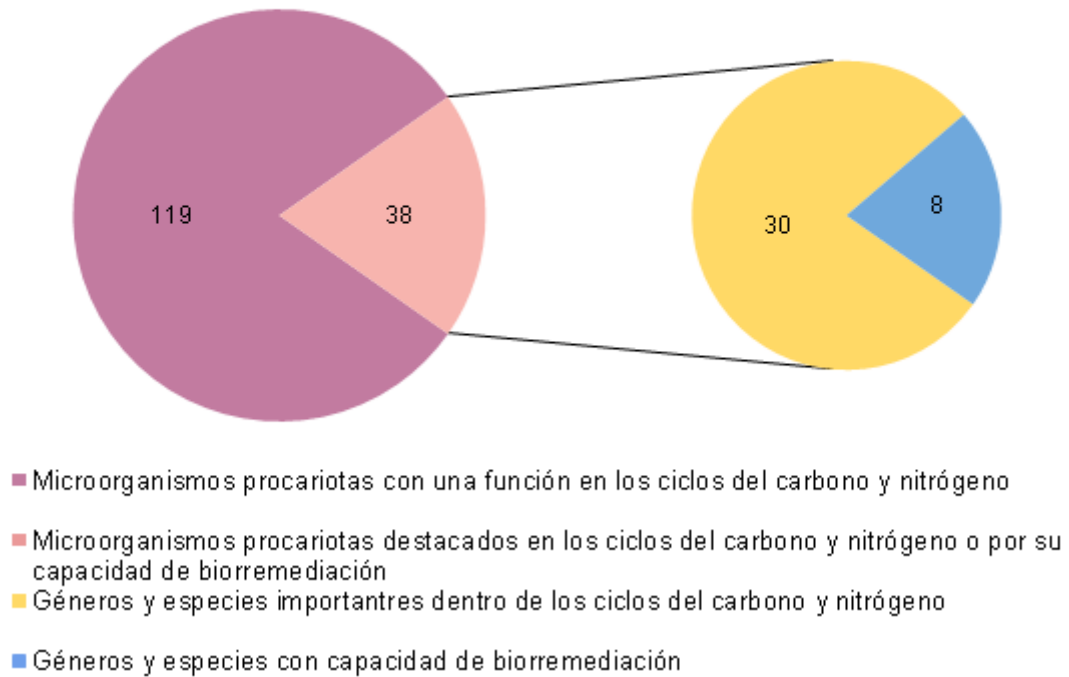
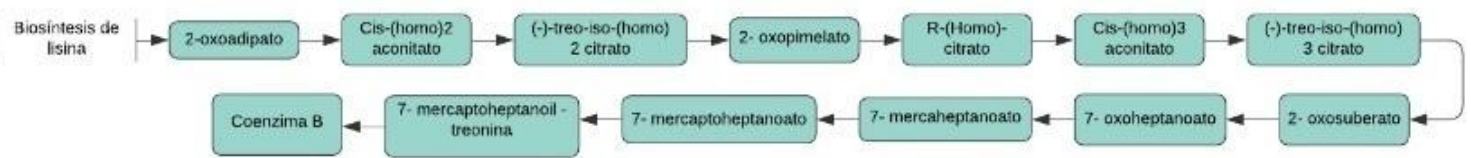
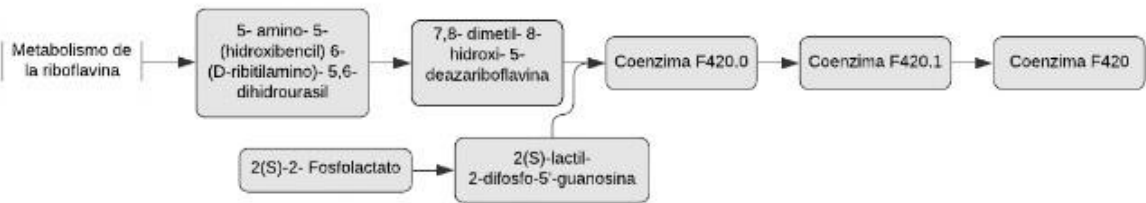
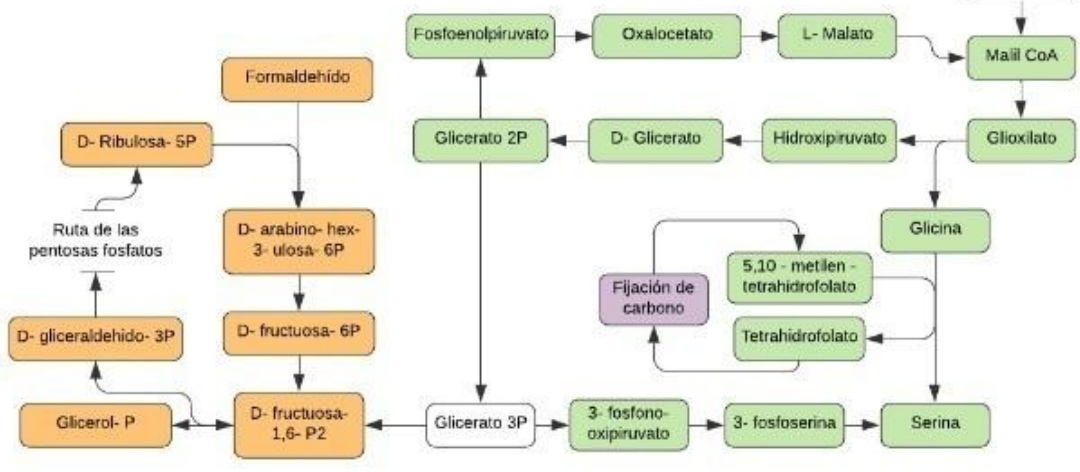
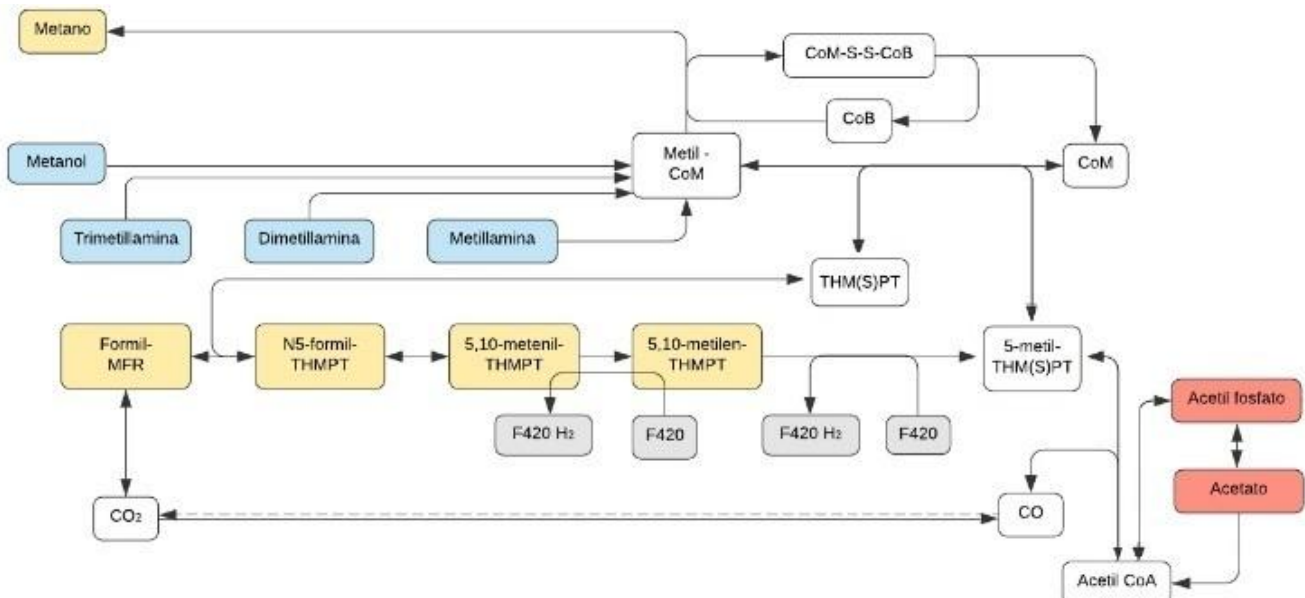


Figura 10. Microorganismos procariontes que desempeñan una función importante en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno en el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá. Fuente: elaboración propia.



Co-M-S-S-CoB: coenzima M heterodisulfuro de 7-mercaptoheptanoil-treonina-fosfato
 THM(S)PT o THMPT: tetrahidrometanopterina THF: tetrahidrofolato
 MFR: metanofurano THF: tetrahidrofolato
 Co-M: coenzima M CoB: coenzima B

● Metanogénesis hidrogenotrófica ● Metanogénesis acetoclástica ● Metanogénesis metilotrófica ● Biosíntesis de la enzima F420 ● Extensión de la cadena del ácido 2-oxocarboxílico
● Asimilación de formaldehído, vía de la ribulosa monofosfato ● Asimilación de formaldehído, vía de la serina ● Fijación de carbono → Vía del acetyl CoA ○ Parte de la ruta compartida

Figura 11. Esquema de las rutas metabólicas implicadas en el ciclo biogeoquímico del carbono. Fuente: elaboración propia.

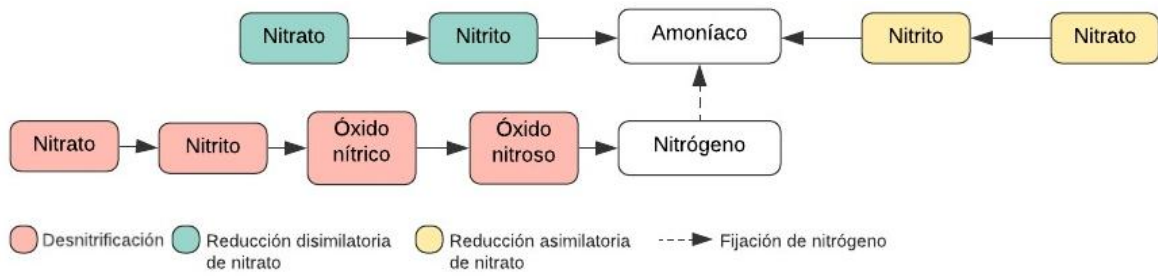


Figura 12. Esquema de las rutas metabólicas implicadas en el ciclo biogeoquímico del nitrógeno. Fuente: elaboración propia.

8. Discusión

De acuerdo con la información consultada, de las 226 referencias se observó que un 95% está publicada en el idioma inglés, el cual se ha convertido en el idioma universal de la comunidad científica que ha permitido a investigadores de todas partes del mundo compartir ideas, descubrimientos, opiniones y tener acceso a la información, lo que ha llevado a muchas revistas a realizar publicaciones únicamente en este idioma, lo que sugiere, además, que para realizar una publicación de los resultados de este trabajo o una investigación relacionada con los temas aquí tratados se debería escribir en idioma inglés. Hay una gran variedad de revistas que tratan un área del conocimiento con cierta afinidad en los contenidos que publica, como se observa en el anexo 2, en donde se encuentran algunas relacionadas con las áreas de ciencias ambientales, ecología, biología marina, biología molecular, biotecnología, microbiología, biología evolutiva, entre otras, por lo que acceder a una publicación y lograr la divulgación científica de un tema estudiado en particular actualmente es más sencillo, esto teniendo en cuenta los requisitos exigidos por la revista.

Es evidente que la mayoría de estudios no son publicados en el país en donde se realizan, como se observa en el anexo 2, esto es debido en parte a que los investigadores buscan divulgar sus trabajos investigativos y una forma de hacerlo es mostrándolo en revistas reconocidas a nivel internacional y con la finalidad de compartir nuevos conocimientos en pro del beneficio y bienestar de las comunidades y el medio ambiente. Por otro lado, se evidenció que la mayoría de la información consultada se encontró en la base de datos *Microbiology Society* ya que, además de ser una base de datos, es una editorial que publica en su revista los microorganismos descritos por primera vez, lo que fue conveniente para este trabajo porque los ecosistemas de manglar son poco explorados, muchos microorganismos no se han descrito y muchos otros solo cuentan con un reporte que generalmente es publicado en esta revista.

Los manglares ubicados en el trópico y subtrópico del planeta son el hábitat de diversas especies de microorganismos, animales y plantas, aunque representan menos del 1% de todos los bosques tropicales del mundo y menos del 0,4% del total

de bosques mundiales³⁴. Los filos bacterianos más representativos en estos ecosistemas son Proteobacteria, Firmicutes, Planctomycetes, Actinobacteria, Chloroflexi, Bacteroidetes, Cyanobacteria y Chlorobi, en cuanto, a la comunidad arqueal se observan los filos Thermoplasmata, Bathyarchaeota, Euryarchaeota y Crenarchaeota²⁴. Sin embargo, estos filos están compuestos por una gran diversidad de géneros y especies que colonizan estos ambientes, dependiendo de los factores bióticos y abióticos por los que atraviesa el ecosistema.

Conocer el microbioma del sedimento presente en estos ecosistemas ayuda a la detección de genes que están relacionados con los ciclos biogeoquímicos, tolerancia a la alta salinidad y resistencia a compuestos xenobióticos. La bioprospección es una de las muchas utilidades que se derivan de la caracterización de comunidades microbianas por destacar su potencial biotecnológico. El análisis metagenómico de la diversidad bacteriana y fúngica de las rizosferas y los sedimentos de los manglares facilitan el descubrimiento de nuevas enzimas, bioactividades y metabolitos secundarios relevantes¹¹. Algunos ejemplos de bioprospección enzimática son el uso comercial para el blanqueo de pulpa en la industria del papel; en la industria alimentaria para liberar antioxidantes mejorando los rendimientos en la extracción de almidón y proteínas de frutas, en la lavandería mediante el uso de detergentes a base de celulasa con acción limpiadora mejorada; en la industria textil para eliminar el exceso de tinte de los tejidos y restaurar el brillo del color, etc²¹⁹.

En Colombia, la vulnerabilidad de los ecosistemas de manglar y la constante presión a la que han sido sometidos por la acción antropogénica, han generado diversos ensayos para su recuperación como el proyecto realizado por Sánchez H, Ulloa G y Alvarez R¹, titulado “Conservación y manejo para el uso múltiple y el desarrollo de los manglares en Colombia”. En el Caribe, debido a su desarrollo económico y social, los impactos sobre los ecosistemas de manglar han ido adquiriendo proporciones devastadoras con las construcciones como la vía Coveñas y Tolú, la troncal del caribe entre Barranquilla y Ciénaga, el muelle de la bahía de Cartagena, camaroneras en el Canal del Dique, Isla Barú, Bahía de Barbacoas y Bahía de Cispatá, entre otros⁴. Sin embargo, no se reconoce su importante papel económico y ecológico que beneficia a una gran parte de la comunidad y que se caracteriza,

además, por ser un punto importante en términos de biodiversidad bastante conocido, pero poco estudiado. Los microorganismos son un componente principal de esta biodiversidad, donde se encuentran bacterias, arqueas, hongos y microalgas.

En el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá hay una mayor prevalencia de microorganismos procariontes involucrados en el ciclo del carbono que del nitrógeno, como se puede observar en la figura 8, esto se debe a que la principal fuente de alimento en este ecosistema se encuentra en forma de carbono proveniente de la materia orgánica, mientras que el nitrógeno, a pesar de ser un elemento esencial, es limitado; el amonio, por el que compiten microorganismos y plantas, es la principal forma en la que este elemento se encuentra en los suelos del manglar, puesto que está generalmente en condiciones anóxicas que interfieren en los procesos de oxidación a nitritos y posteriormente a nitratos. Este nitrógeno proviene en gran medida de la caída de la hojarasca, su degradación y remineralización, de igual manera, de los nutrientes disueltos o ligados a partículas transportadas por las mareas y el proveniente de la actividad antropogénica como la escorrentía agrícola y las aguas residuales⁸. Además, la disponibilidad de los nutrientes en el manglar también está relacionada con la estructura del suelo, que es variable según el origen de las partículas que lo conforman, éstas pueden ser de tipo autóctonas (provenientes de la materia del manglar) o alóctonas (provenientes de la meteorización), en donde hay mayor cantidad de nutrientes en suelos conformados por limos y arcillas porque se promueve su permanencia por lapsos mayores en comparación con otros tipos de suelo¹.

El análisis de los datos de la diversidad procarionte reportados por Abril, Alfonso, Arango y Bermúdez²⁷, mostró 37 bacterias en agua involucradas en el ciclo biogeoquímico del carbono, que se encuentran allí, probablemente porque las grandes cantidades de materia orgánica presentes en el agua proporcionan una fuente de alimento para los microorganismos, ya que está compuesta principalmente de carbono en forma de detritos, materia orgánica en proceso activo de descomposición rico en energía, al igual que las hojas de manglar allí presentes que contienen entre 30 y 50% de compuestos lixiviables solubles en agua, como los taninos y azúcares²¹. Adicionalmente, la biomasa lignocelulósica del mangle está

compuesta por lignina, celulosa, hemicelulosas y pectinas, que son degradadas por bacterias que secretan enzimas lignocelulolíticas transformando las macromoléculas que componen la biomasa vegetal en moléculas más simples, transformaciones energéticas que son importantes para que se lleven a cabo los ciclos biogeoquímicos²²⁰.

La lignina puede llegar a ser el componente más estable y difícil de degradar de la biomasa vegetal, en su proceso de degradación se ven implicados varios tipos de peroxidadas y lacasas. La celulosa, un polímero de glucosa lineal unido por enlaces β -1,4-glicosídicos, es degradada por celulasas como las endoglucanasas, que hidrolizan los enlaces glucosídicos de la celulosa amorfa, las exoglucanasas, que pueden degradar la celulosa liberando el disacárido celobiosa, y las β -glucosidasas, que finalmente producen glucosa a partir de la celobiosa. Las hemicelulosas son polímeros complejos que incluyen xilanos, xiloglucanos, glucomananos y mananos, por lo que en su degradación se ven implicadas varias enzimas que incluyen glicosil hidrolasas, como endo- y exo-1-4 β -xilosidasas, α -D-galactosidasa, α -D-glucuronidasa, entre otras, y esterasas como feruloil esterasa y acetil xilano esterasa. Las pectinas son polímeros ramificados de ácido galacturónico con enlaces α 1-4 en los que la arabinosa y la galactosa son los azúcares más abundantes, las enzimas involucradas en su degradación incluyen endo- y exopoligalacturonasas, endo- y exo-rhamnogalacturonasas, α -ramnosidasas, xilogalacturonasas, entre otras. Se ha informado de los géneros del filo Proteobacteria como constituyentes importantes de la comunidad en varios sistemas de degradación de la biomasa vegetal, junto con Actinobacteria, Bacteroidetes y Firmicutes²¹⁹, lo que concuerda con los datos analizados para los ecosistemas de manglar y los resultados obtenidos del análisis de la comunidad procariota del manglar de la bahía de Cispatá, como se observa en la figura 7, que se relaciona, además, con la variedad enzimática que presentan los microorganismos de este ecosistema, descritas en la tabla de microorganismos, anexo 3.

Al igual que en otros estudios, como el reportado para el ambiente marino del mar Mediterráneo a 3000m de profundidad, el filo más abundante fue Proteobacteria, en particular el orden Rhizobiales, seguido de los filios Actinobacterias y Firmicutes, con una presencia abundante de genes que codifican para deshidrogenasas, como

genes *cox*, lo que sugiere que la oxidación del monóxido de carbono podría ser una fuente importante de energía⁴, mientras que en el sedimento de manglar en el estado de São Paulo, Brasil, se reportó que el metabolismo del carbono y el nitrógeno es llevado a cabo por Proteobacteria, Firmicutes y Planctomycetes⁵, este último filo, a pesar de que se encuentra presente en el sedimento del ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá, no reporta ninguna bacteria con género y especie, pero sí se evidencia que las transformaciones metabólicas involucradas en los ciclos del carbono y el nitrógeno están influenciadas principalmente por Proteobacteria y Firmicutes, al igual que lo reportado en los manglares del estado de São Paulo, el mar mediterráneo y los manglares de Sundarbans, India, en donde las comunidades microbianas están dominadas igualmente por Proteobacteria, Firmicutes y Bacteroidetes²⁰.

Los ecosistemas de manglar comparten con los lagos de soda la presencia de grandes concentraciones de sales, convirtiéndolos en ambientes propicios para el desarrollo de diversas comunidades microbianas halófilas que son responsables del ciclo de los elementos químicos, como el carbono y nitrógeno. En los lagos de soda la fijación de carbono es realizada por cianobacterias, donde se incluyen principalmente los géneros *Arthrospira* y *Anabaenopsis*⁷, que en comparación con el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá, aunque se encuentran presentes, no son abundantes y no se reportó ninguna especie. En cuanto a la degradación de la materia orgánica producida por bacterias heterótrofas, al igual que en los ecosistemas de manglar, en los lagos de soda es realizada, en su mayoría, por bacterias del filo Firmicutes, con especies dentro del género *Bacillus* sp. que presentan diversas actividades de glucosidasa y varias bacterias pertenecientes a los filos Actinobacteria y Proteobacteria. No se han realizado muchas investigaciones sobre el desarrollo del ciclo del nitrógeno en los lagos de soda, sin embargo, se han asociado bacterias del filo Firmicutes en el proceso de fijación de nitrógeno y bacterias del filo Proteobacteria en la oxidación de amonio y nitritos⁷.

Para la reserva natural de Mai Po, en Hong Kong, se encontraron los filos Proteobacteria, Chloroflexi, Bacteroidetes, Cyanobacteria y Planctomycetes, donde la mayoría de bacterias de estos filos desempeñan funciones en los ciclos biogeoquímicos mediante diversas transformaciones energéticas, al igual que lo

encontrado en las muestras de sedimento de manglares de Bamenwan, China en donde los filos principales fueron Proteobacteria, Actinobacteria, Chloroflexi, Firmicutes, Bacteroidetes, Cyanobacteria, Nitrospirae y Chlorobi. En el caso del manglar de la bahía de Cispatá, de las 157 bacterias que cumplen funciones en los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno se observa que el filo Proteobacteria también fue el más abundante; dentro de este filo se encuentra el orden Rhizobiales que está compuesto por bacterias fijadoras de nitrógeno como *Methylovirgula ligni*, *Aquamicrobium defluvii*, *Mesorhizobium loti* y *Mesorhizobium ciceri* reportadas en la tabla de microorganismos procariotas (anexo 3). El siguiente filo con mayor abundancia fue Bacteroidetes, que se caracteriza por su capacidad de metabolizar macromoléculas como proteínas y polisacáridos, que finalmente terminan formando parte del ciclo del carbono y el nitrógeno y, en tercer lugar, el filo Firmicutes, en especial el orden Bacillales^{24,39}. En cuanto a las arqueas, el filo más representativo encontrado en el análisis fue Euryarchaeota caracterizado por tener microorganismos metanogénicos, esto puede deberse, en parte, a la contaminación que ha tenido el manglar de la bahía de Cispatá²², en donde la actividad metanogénica aumenta gracias a los hidrocarburos que se pueden encontrar allí²⁸.

Cabe resaltar que la tabla del anexo 3 está compuesta por 157 microorganismos procariotas que presentan género y especie, de los cuales se conocen funciones específicas involucradas en los ciclos del carbono y nitrógeno, ya que son posibles de aislar en medios de cultivo facilitando la realización de pruebas bioquímicas, sin embargo, las técnicas basadas en cultivos sólo facilitan una recuperación limitada de menos del 1% de la biodiversidad microbiana total, por lo que se reconoce que alrededor del 99% de los microorganismos no se pueden cultivar²¹⁹. Actualmente, las ciencias ómicas permiten superar este vacío, por lo que ahora es posible caracterizar los microorganismos sin necesidad de aislarlos en medios de cultivo; a pesar de que se describen un total de 3.215 OTU obtenidas por secuenciación en muestras de sedimento y agua del manglar de la bahía de Cispatá, aún son deficientes los datos que permitan identificar la diversidad microbiana total o aún son incompletos los estudios realizados, lo que indica que en este ecosistema puede haber microorganismos relacionados con los ciclos del carbono y nitrógeno que están cumpliendo una función parcial o importante, solo que aún no están identificados con género y especie, como es el caso de la clase Nitrospira

caracterizada por llevar a cabo la oxidación del nitrito y el orden Deferribacterales por reducir el nitrato³⁹.

De la comunidad procariota reportada por Abril, Alfonso, Arango y Bermúdez²⁷, se encontraron 30 microorganismos procariotas reportados con género y especie que desempeñan una función importante en el metabolismo del nitrógeno por llevar a cabo las rutas de fijación de nitrógeno, reducción asimilatoria de nitrato, reducción disimilatoria de nitrato y la desnitrificación, las cuales son realizadas principalmente por el filo Proteobacteria, seguido de Chlorobi, Firmicutes y Euryarchaeota, en donde algunos de los microorganismos involucrados en estos procesos son *Halomonas alkaliphila*, *Arcobacter mytili*, *Clostridium perfringens*, *Methanosarcina horonobensis*, *Chlorobium limicola*, entre otros, que obedecen las rutas que se observan en la figura 12. Sin embargo, en estos datos no se encontraron microorganismos procariotas reportados con género y especie que presenten actividad para los procesos de nitrificación y anammox, esto no significa que estos procesos no se estén llevando a cabo en el ecosistema de manglar, puesto que hay gran diversidad de microorganismos procariotas que aún no se encuentran clasificados taxonómicamente o su clasificación es incompleta.

Por otro lado, en las transformaciones del carbono en el sedimento de manglar, se produce metano durante la etapa final de descomposición anaeróbica de la materia orgánica, la cual es realizada por los metanógenos en un proceso conocido como metanogénesis, que se divide en tres categorías fisiológicas dependiendo del tipo de sustrato utilizado como son: la metanogénesis hidrogenotrófica, metanogénesis metilotrófica y metanogénesis acetoclástica¹³.

La metanogénesis hidrogenotrófica se caracteriza por utilizar el hidrógeno como fuente de electrones, por medio de la coenzima F420 para reducir el CO₂ y formar metano, otros hidrogenotrofos pueden utilizar como sustrato, además, formiatos y alcoholes secundarios como donantes de electrones²²¹. Se ha reportado, en los sedimentos del manglar de Singapur, que *Methanobacterium bryantii* es un metanógeno hidrogenotrófico, que utiliza H₂ como único sustrato energético y NH₄⁺ como fuente de nitrógeno esencial¹³; como se observa en el análisis realizado en el manglar de Cispatá, en donde además, se encontró *Methanosaeta harundinacea*,

Methanosarcina horonobensis, *Methanosarcina siciliae* y *Methanobacterium arcticum*, involucrados en este tipo de metanogénesis, así como *Rhodococcus erythropolis* y *Rhodococcus qingshengii* involucrados en la biosíntesis de la coenzima F420.

Por otro lado, en la metanogénesis metilotrónica se utilizan sustratos metilados como metanol, metilaminas y sulfuros de metilo, para reducir el CO₂ y formar metano²²¹; en el ecosistema de manglar esta ruta es llevada a cabo principalmente por el orden Methanosarcinales, reportados, por ejemplo, en muestra de sedimento del manglar de Singapur y de la bahía de Cispatá. La capacidad que tienen estos metanógenos para utilizar sustratos no competitivos como el metanol, las mono, di y trimetilaminas, que no son fácilmente utilizados por otras bacterias, como las reductoras de sulfato (SRB), posibilita la convivencia de una gran variedad de microorganismos en sedimentos anóxicos¹³. De los 30 microorganismos procariotas reportados con género y especie en el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá (anexo 3), se destacan *Methanosarcina horonobensis* y *Methanosarcina siciliae* por realizar esta ruta de la metanogénesis.

Finalmente, la vía de la metanogénesis acetoclástica produce metano por descarboxilación del acetato. Esta vía requiere un gasto de energía en forma de ATP para generar Acetil-CoA a partir de acetato²²¹. Las arqueas del género *Methanosarcina* spp. presentes en el manglar de la bahía de Cispatá y Singapur, son las únicas metanógenas conocidas que producen metano usando las tres vías metabólicas, es decir, la vía hidrogenotrónica, acetoclástica y metilotrónica. Es evidente que los parámetros ambientales junto con la disponibilidad de sustrato, pueden tener influencia en la proliferación específica de algunos grupos metanogénicos, determinando así la composición de las comunidades que allí se forman¹³.

En cuanto a los compuestos xenobióticos y su relación con el manglar, un estudio realizado por Burgos S, Navarro A, et al.²² en el 2017 muestran que la bahía de Cispatá, ubicada en Córdoba, ha sido afectada por la escorrentía de fertilizantes químicos, pesticidas, herbicidas, metales pesados y derrames de hidrocarburos²². La mayoría de estos xenobióticos provienen de aguas residuales, cultivos de arroz

tratados con fertilizantes y acciones mineras que contaminan el río Sinú en su trayectoria hasta la desembocadura en el mar, además de un puerto petrolero que se sitúa a 12 km de la bahía de Cispatá.

Los ecosistemas de manglar están interconectados con ecosistemas terrestres adyacentes, entre los que se encuentran marismas salinas, marismas, bosques de palmeras, bosques de pantanos y cuencas río arriba; pero la gran contaminación que presenta hoy en día el agua desde el nacimiento del río y durante su trayecto hasta la desembocadura en el mar, las presas o el desvío de agua para riego pueden producir graves impactos en los humedales y manglares costeros río abajo.

Teniendo en cuenta lo anterior, y la versatilidad nutricional de los microorganismos para la biodegradación de contaminantes, las bacterias encontradas en el análisis del manglar de la bahía de Cispatá como: *Thalassolituus marinus*, *Aquamicrobium defluvii*, *Yeosuana aromativorans* y *Algoriphagus zhangzhouensis*, según la revisión bibliográfica poseen capacidad para degradar hidrocarburos mediante enzimas como oxigenasas, peroxidasas y lipasas ayudando así a la desintoxicación del manglar, ya que una gran cantidad de hidrocarburos causa impactos nocivos sobre el medio ambiente y la salud por su toxicidad, sus propiedades cancerígenas y mutagénicas²²². Asimismo, *Pseudomonas putida* siempre se ha reconocido por su capacidad de degradar hidrocarburos como el diesel y compuestos aromáticos que en su mayoría provienen de la lignina, pero en la revisión realizada encontramos también que transforma el 2,4,6-trinitrotolueno (TNT) en más de una docena de metabolitos que pueden ser usados por microorganismos en el ciclo del carbono y nitrógeno, mediante la reducción del anillo aromático y del grupo nitro; su genoma presenta hidrolasas, transferasas, deshidrogenasas, entre otras enzimas que la ayudan con su potencial de desintoxicación¹⁴³.

Para el caso de la muestra de sedimento del manglar de Cispatá, la bacteria encontrada *Rhodococcus erythropolis* y en general su género, poseen enzimas monooxigenasas que oxidan los hidrocarburos a través de la β -oxidación, y es en este momento cuando ingresa al ciclo del carbono mediante la degradación del compuesto orgánico produciendo ácidos grasos que serán utilizados para la síntesis de una variedad de lípidos⁵⁶. La bacteria *Rhodococcus qingshengii*, degrada la

carbendacima ($C_9H_9N_3O_2$), uno de los fungicidas más utilizados y nocivos para los organismos, liberando al medio, tanto carbono como nitrógeno, que puede ser aprovechado por los microorganismos⁵⁸. Por otro lado, la cianobacteria *Tetraselmis marina* es capaz de metabolizar el herbicida 2,4-diclorofenol por medio de glucosilación y malonilación gracias a sus enzimas transferasas que catalizan la transferencia de un grupo funcional de una molécula donadora a una receptora. Los metabolitos formados son hidrolizados generando glucosa y ácido malónico, los cuales pueden ser utilizados por otras poblaciones microbianas como una fuente de nutrición y entrar de esta forma al ciclo biogeoquímico del carbono^{95, 223}.

Los metales pesados no pueden ser degradados biológicamente, sino que solo se transforman de un estado de oxidación o complejo orgánico a otro²²⁴, como por ejemplo, la forma oxidada y soluble del metal uranio U(VI), que representa una amenaza para los recursos hídricos²²⁵; el filo más conocido en cuanto a la reducción de este elemento es Proteobacteria, resaltando sus géneros *Geobacter* sp. y *Shewanella* sp.²²⁶, sin embargo, la bacteria *Pullulanibacillus uraniitolerans* perteneciente al filo Firmicutes que fue reportada en un efluente ácido del relave de molino de Uranio en Portugal y en el manglar de la bahía de Cispatá, según la revisión bibliográfica, presenta resistencia a este elemento¹⁰⁵, lo que genera un interés especial, para investigar sobre su posible potencial en la transformación de este metal.

9. Conclusiones

- En la revisión y análisis bibliográfico realizado se encontró que la comunidad microbiana que habita con mayor abundancia los ecosistemas de manglar pertenecen a los filos Proteobacteria (gammaproteobacteria, deltaproteobacteria y alphaproteobacteria), Firmicutes (Clostridia y Bacilli), Planctomycetes, Actinobacteria, Chloroflexi, Bacteroidetes, Cyanobacteria y Chlorobi, en cuanto, a la comunidad arqueal se observaron los filos Thermoplasmata, Bathyarchaeota, Euryarchaeota y Crenarchaeota. Estos filos presentan una gran diversidad de géneros y especies que no solo colonizan estos ambientes dependiendo de los factores bióticos y abióticos por los que atraviesa el ecosistema, sino que también, aportan a su mantenimiento y funcionamiento, gracias a que poseen una gran variedad enzimática que contribuye a los procesos de degradación de la materia orgánica, reciclaje de nutrientes y a la capacidad de biorremediación de diferentes compuestos xenobióticos.
- Los principales microorganismos procariotas identificados en el desarrollo del ciclo del nitrógeno en los ecosistemas de manglar pertenecen a los filos Planctomycetes y Proteobacteria (Alphaproteobacteria, Betaproteobacteria y Deltaproteobacteria) que están involucrados en la fijación de nitrógeno, nitrificación, reducción asimilatoria y disimilatoria de nitrato, anammox y desnitrificación.
- Los principales microorganismos procariotas identificados en el desarrollo del ciclo del carbono en los ecosistemas de manglar pertenecen al filo Proteobacteria; se destaca la clase Alphaproteobacteria por participar en la fotosíntesis oscura y la metilotrofia y las Deltaproteobacteria, que junto con el filo arqueal Euryarchaeota, son representativas por contribuir en las transformaciones del metano.

- La comunidad procariota del ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá está conformada en su mayoría por el filo Proteobacteria y en menor medida por Chlorobi, Firmicutes y Euryarchaeota, en donde encontramos microorganismos reportados con género y especie que llevan a cabo funciones importantes en los procesos de fijación de nitrógeno, reducción asimilatoria y disimilatoria de nitrato y desnitrificación, como *Halomonas alkaliphila*, *Arcobacter mytili*, *Methanosarcina horonobensis*, entre otros. Sin embargo, no se encontraron microorganismos que presenten actividad para los procesos de nitrificación y anammox.
- La principal vía metabólica relacionada con el ciclo del carbono y los microorganismos en el ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá es la metanogénesis, que es llevada a cabo en su mayoría por el filo arqueal Euryarchaeota, en el que se destacan microorganismos como *Methanosarcina horonobensis*, *Methanosaeta harundinacea*, *Methanosarcina siciliae*, entre otros.

10. Referencias

1. Sánchez H, Ulloa G, Alvarez R. Conservación y uso sostenible de los manglares del caribe colombiano. Colombia: Ministerio del Medio Ambiente; 1998.
2. Blanco J, Álvarez R. Mangroves of Colombia revisited in an era of open data, global changes, and socio-political transition: Homage to Heliodoro Sánchez-Páez. *Revista de la academia colombiana de ciencias exactas, físicas y naturales* [Internet]. 2019 [consultado 2019 octubre 18]; 43(166): 84-97. Disponible en: <http://www.scielo.org.co/pdf/racefn/v43n166/0370-3908-racefn-43-166-84.pdf>
3. Álvarez R. Los manglares de Colombia y la recuperación de sus áreas degradadas: revisión bibliográfica y nuevas experiencias. *Madera y Bosques* [Internet]. 2003 [consultado 2019 septiembre 25]; 9(1): 3-25. Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=61790101>
4. Hernández R, Velázquez I, Orozco M, Santoyo G. Metagenómica de suelos: grandes desafíos y nuevas oportunidades biotecnológicas. *Revista internacional de botánica experimental* [Internet]. 2010 [consultado 2019 agosto 25]; 79: 133-139. Disponible en: <http://www.revistaphyton.fundromuloraggio.org.ar/vol79/Hernandez-Leon.pdf>
5. Andreote F, Jiménez D, Chaves D. et. al. The Microbiome of Brazilian Mangrove Sediments as Revealed by Metagenomics. *PLoS ONE* [Internet]. 2012 [consultado 2019 septiembre 25]; 7(6). Disponible en: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0038600>
6. Huang J, Lu X, Yan H, Chen S, Zhang W, Huang R. Transcriptome Characterization and Sequencing-Based Identification of Salt-Responsive Genes in *Millettia pinnata*, a Semi-Mangrove Plant. *DNA Research* [Internet]. 2012 [consultado 2019 septiembre 05]; 19(2): 195-207. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22351699>
7. Sorokin D, Berben T, Melton E, Overmars L, Vavourakis C, Muyzer G. Microbial diversity and biogeochemical cycling in soda lakes. *Extremophiles*

- [Internet]. 2014 [consultado 2019 septiembre 25]; 18(5): 791-809. Disponible en:
https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4158274/pdf/792_2014_Article_670.pdf
8. Ray R, Majumder N, Das S, Chowdhury C, Kumar T. Biogeochemical cycle of nitrogen in a tropical mangrove ecosystem, east coast of India. *Marine Chemistry* [Internet]. 2014 [consultado 2019 septiembre 05]; 167: 33-43. Disponible en:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0304420314000802>
 9. Verhoeven J, Laanbroek H, Rains M, Whigham D. Effects of increased summer flooding on nitrogen dynamics in impounded mangroves. *Journal of Environmental Management* [Internet]. 2014 [consultado 2019 septiembre 05]; 139: 217-226. Disponible en:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0301479714001261?via%3Dihub>
 10. Polanía J, Urrego L, Agudelo C. Recent advances in understanding Colombian mangroves. *Acta Oecologica* [Internet]. 2015 [consultado 2019 septiembre 05]; 63: 82-90. Disponible en:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1146609X15000120>
 11. Simoes M, Antunes A, Ottoni C, Shoaib M, Alam I, Alzubaidy H. Soil and Rhizosphere Associated Fungi in Gray Mangroves (*Avicennia marina*) from the Red Sea - A Metagenomic Approach. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics* [Internet]. 2015 [consultado 2019 septiembre 05]; 13: 310-320. Disponible en:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1672022915001382>
 12. Dudhagara P, Bhavsar S, Bhagat C, Ghelani A, Bhatt S, Patel R. Web Resources for Metagenomics Studies. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics* [Internet]. 2015 [consultado 2019 agosto 25]; 13(5): 296-303. Disponible en:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1672022915001424>
 13. Jing H, Shunyan C, Zhou Z, Wu C, Nagarajan S, Hongbin L. Spatial Variations of the Methanogenic Communities in the Sediments of Tropical Mangroves. *PLoS ONE* [Internet]. 2016 [consultado 2019 agosto 25]; 11(9). Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27684479>

14. Lisboa M, Lara R, Cuevas E, Mulero E, Da Silvieira L. Effects of sea-level rise and climatic changes on mangroves from southwestern littoral of Puerto Rico during the middle and late Holocene. *Catena* [Internet]. 2016 [consultado 2019 septiembre 26]; 143: 187-200. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0341816216301266>
15. Llyina T, Friedlingstein P. Biogeochemical Cycles and Climate Change [Internet]. White Paper on WCRP Grand Challenge – Draft; 2016 [consultado 2019 septiembre 25]. Disponible en: https://www.wcrp-climate.org/JSC37/Documents/BGCGC_whitepaper_submission.pdf
16. Reinert F, Ferreira de Pinho C, Alves M. Diagnosing the level of stress on a mangrove species (*Laguncularia racemosa*) contaminated with oil: A necessary step for monitoring mangrove ecosystems. *Marine Pollution Bulletin* [Internet]. 2016 [consultado 2019 agosto 25]; 113: 94-99. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27600275>
17. Dangan F, Dolorosa R, Sespeñe J, Mendoza N. Diversity and structural complexity of mangrove forest along Puerto Princesa Bay, Palawan Island, Philippines. *Journal of Marine and Island Cultures* [Internet]. 2016 [consultado 2019 septiembre 05]; 5: 118-125. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2212682115300032>
18. Xiaorong X, Yuhui H, Wei X, Shipeng F, Xi Z, Xiumei F, Zang J. Transcriptome Analysis of *Ceriops tagal* in Saline Environments Using RNA-Sequencing. *PLoS ONE* [Internet]. 2016 [consultado 2019 septiembre 05]; 11(12). Disponible en: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0167551>
19. Ramírez L. Marine protected areas in Colombia: Advances in conservation and barriers for effective governance. *Ocean & Coastal Management* [Internet]. 2016 [consultado 2019 septiembre 26]; 125: 49-62. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0964569116300308>
20. Ghosh A, Bhadury P. Insights into bacterioplankton community structure from Sundarbans mangrove ecoregion using Sanger and Illumina MiSeq sequencing approaches: A comparative analysis. *Genomic Data* [Internet]. 2017 [consultado 2019 agosto 25]; 11: 39-42. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2213596016301672>

21. Behera B, Sethi B, Mishra R, Dutta S, Thatoi H. Microbial cellulases – Diversity & biotechnology with reference to mangrove environment: A review. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology* [Internet]. 2017 [consultado 2019 agosto 25]; 15: 197-210. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1687157X16300555>
22. Burgos S, Navarro A, Marrugo J, Enamorado G, Urango I. Polycyclic aromatic hydrocarbons and heavy metals in the Cispatá Bay, Colombia: A marine tropical ecosystem. *Marine Pollution Bulletin* [Internet]. 2017 [consultado 2019 septiembre 05]; 120: 379-386. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0025326X17304034>
23. Lamba S, Bera S, Rashid M, Medvinsky A.B, Sun GQ, Acquisti C, Chakraborty A, Li BL. Organization of biogeochemical nitrogen pathways with switch-like adjustment in fluctuating soil redox conditions. *The Royal Society Publishing* [Internet]. 2017 [consultado 2019 septiembre 25]; 4(1). Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5319346/>
24. Zhou Z, Meng H, Liu Y, Gu JD, Li M. Stratified Bacterial and Archaeal Community in Mangrove and Intertidal Wetland Mudflats Revealed by High Throughput 16S rRNA Gene Sequencing. *Frontiers in Microbiology* [Internet]. 2017 [consultado 2019 septiembre 05]; 8. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2017.02148/full>
25. Xiao K, Wu J, Li H, Hong Y, Wilson A, Jiao J, Shanahan M. Nitrogen fate in a subtropical mangrove swamp: Potential association with seawater-groundwater exchange. *Science of The Total Environment* [Internet]. 2018 [consultado 2019 septiembre 05]; 635: 586-597. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0048969718313044>
26. Wang H, Gilbert J, Zhu Y, Yang X. Salinity is a key factor driving the nitrogen cycling in the mangrove sediment. *Science of The Total Environment* [Internet]. 2018 [consultado 2019 septiembre 05]; 631: 1342-1349. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0048969718308581>
27. Abril Flórez A.L, Alfonso Moyano L.D, Arango López D.R, Bermúdez Macías M.Y. Estudio metagenómico de la diversidad procariota del ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá, San Antero, Córdoba, Colombia. Bogotá: UCMC; 2018.

28. Muñoz A, Mestanza O, Isaza J, Figueroa I, Vanegas J. Influence of salinity on the degradation of xenobiotic compounds in rhizospheric mangrove soil. *Environmental Pollution* [Internet]. 2019 [consultado 2019 septiembre 05]; 249: 750-757. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0269749118357609>
29. Pugh T, Arneeth A, Kautz M, Poulter B, Smith B. Important role of forest disturbances in the global biomass turnover and carbon sinks. *Nat Geosci* [Internet]. 2019 [consultado 2019 septiembre 05]; 12(9): 730-735. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31478009>
30. Jeffrey L, Reithmaier G, Sippo J, Johnston S, Tait D, Harada Y, Maher D. Are methane emissions from mangrove stems a cryptic carbon loss pathway? Insights from a catastrophic forest mortality. *New Phytol* [Internet]. 2019 [consultado 2019 septiembre 05]; 224(1): 146-154. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/31211874>
31. Garcia L, Avila H, Gutierrez R. Land-use and socioeconomic changes related to armed conflicts: A Colombian regional case study. *Environmental Science & Policy* [Internet]. 2019 [consultado 2019 septiembre 26]; 7: 116-124. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1462901118314114>
32. Cabral L, Fontes M, Tarciso S, Vieira G, Júnior L, Richter L. The metagenomic landscape of xenobiotics biodegradation in mangrove sediments. *Ecotoxicology and Environmental Safety* [Internet]. 2019 [consultado 2019 septiembre 26]; 179: 232-240. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0147651319304774>
33. Casas Velásquez N.A, Hurtado Pulido L.V. Estudio metagenómico de la diversidad eucariota del ecosistema del manglar de la bahía de Cispatá, San Antero, Córdoba. Bogotá: UCMC; 2019.
34. Clüsener M, Cárdenas M. The Importance of Mangrove Ecosystems for Nature Protection and Food Productivity: Actions of UNESCO's Man and the Biosphere Programme. *Halophytes for Food Security in Dry Lands* [Internet]. 2016 [consultado 2019 octubre 18]; 125-140. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B978012801854500008X>
35. Spalding M, Blasco F, Field C. *World Mangrove Atlas*. The International Society for Mangrove Ecosystems. Okinawa, Japan: ISME; 1997.

36. Spalding M, Kainuma M, Collins N. World Atlas of Mangroves. Earthscan. USA; 2010.
37. Rodriguez J, Sierra P, Gómez M, Licero L. Mangrove Ecosystems (Colombia). The Wetland Book [Internet]. 2016 [consultado 2019 octubre 18]; 1–10. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/311317761_Mangroves_of_Colombia
38. Álvarez León R, Álvarez-Puerto J.R. Legislación colombiana relacionada con los ecosistemas de manglar. Arquivos de Ciências do Mar. [Internet]. 2016 [consultado 2020 abril 18]; 49(2): 115-131. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/327150279_LEGISLACION_COLOMBIANA_RELACIONADA_CON_LOS_ECOSISTEMAS_DE_MANGLAR
39. Liu M, Huang H, Bao S, Tong Y. Microbial community structure of soils in Bamenwan mangrove wetland. Scientific Reports [Internet]. 2019 [consultado 2020 junio 29]; 9. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41598-019-44788-x>
40. Holguin G, Vazquez P, Bashan Y. The role of sediment microorganisms in the productivity, conservation, and rehabilitation of mangrove ecosystems: an overview. Biol Fertil Soils [Internet]. 2001 [consultado 2020 marzo 27]; 33: 265–278. Disponible en: <http://www.bashanfoundation.org/gmaweb/pdfs/therole.pdf>
41. Sahoo K, Dhal N. Potential microbial diversity in mangrove ecosystems: A review. IJMS [Internet]. 2009 [consultado 2020 marzo 27]; 38(2): 249-256. Disponible en: <http://nopr.niscair.res.in/bitstream/123456789/4675/1/IJMS%2038%282%29%20249-256.pdf>
42. Rivera M. Gómez L. Guillermo J. Efecto de ácidos húmicos sobre el crecimiento y la composición bioquímica de *Arthrospira platensis*. Revista colombiana de biotecnología [Internet]. 2017 [consultado 2020 abril 17]; 10(1): 71-81. Disponible en: <http://www.scielo.org.co/pdf/biote/v19n1/0123-3475-biote-19-01-00071.pdf>

43. Duarte C, Alonso S, Benito G, Dachs J, Montes C, Pardo M, Aida F. Cambio global: impacto de la actividad humana sobre el sistema Tierra. Consejo superior de investigaciones científicas. Madrid, España: Cyan, Proyectos y Producciones Editoriales, S.A; 2006.
44. Cerón Rincón L.A, Aristizábal Gutiérrez F.A. Dinámica del ciclo del nitrógeno y fósforo en suelos. IBUN [Internet]. 2012 [consultado 2020 abril 17]; 14(1): 285-295. Disponible en: <http://www.scielo.org.co/pdf/biote/v14n1/v14n1a26.pdf>
45. Shcherbakova V, Rivkina E, Pecheritsyna S, Laurinavichius K, Suzina N, Gilichinsky D. *Methanobacterium arcticum* sp. nov., a methanogenic archaeon from Holocene Arctic permafrost. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2011 [consultado 2020 julio 17]; 61(1): 144–147. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.021311-0>
46. Guyott J, Brauman A. Methane Production from Formate by Syntrophic Association of *Methanobacterium bryantii* and *Desulfovibrio vulgaris* JJ. Applied and environmental microbiology [Internet]. 1986 [consultado 2020 julio 17]; 52(6): 1436-1437. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC239251/>
47. Weng Y, Chen S, Lai M, Wu S, Lin S, Yang T, et al. *Methanoculleus taiwanensis* sp. nov., a methanogen isolated from deep marine sediment at the deformation front area near Taiwan. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2015 [consultado 2020 julio 17]; 65(3): 1044–1049. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.000062>
48. KEGG. *Methanosaeta harundinacea* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 17] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=genome_info&org=mhi
49. Mochimaru H, Tamaki H, Hanada S, Imachi H, Nakamura K, Sakata S, Kamagata Y. *Methanolobus profundi* sp. nov., a methylotrophic methanogen isolated from deep subsurface sediments in a natural gas field. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2009

- [consultado 2020 julio 17]; 59(4): 714–718. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.001677-0>
50. KEGG. *Methanosarcina horonobensis* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 17] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T03933
51. KEGG. *Methanosarcina siciliae* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 17] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?org=msz
52. Kazda J, Müller H, Stackebrandt E, Daffe M, Müller K, Pitulle C. *Mycobacterium madagascariense* sp. nov. International journal of systematic bacteriology [Internet]. 1992 [consultado 2020 julio 17]; 42(4): 524-528. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-42-4-524>
53. Tsukamura M, Yano I, Imaeda T. *Mycobacterium moriokaense* sp. nov., a Rapidly Growing, Nonphotochromogenic Mycobacterium. International journal of systematic bacteriology [Internet]. 1986 [consultado 2020 julio 17]; 36(2): 333-338. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-36-2-333>
54. KEGG. *Rhodococcus erythropolis* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 17] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?rer:RER_14730
55. Proteomes - *Rhodococcus erythropolis* (strain PR4 / NBRC 100887) [Internet]. UniProt Consortium; 2002 - 2020c [consultado 2020 julio 17] Disponible en: <https://www.uniprot.org/proteomes/UP000002204>
56. Pucci O, Acuña A, Pucci G. Biodegradación de residuos de estaciones de servicio y lavaderos industriales por la cepa *Rhodococcus erythropolis* ohp-al-gp. Acta biológica colombiana [Internet]. 2013 [consultado 2020 julio 17]; 18(2): 251-258. Disponible en: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-548X2013000200002
57. KEGG. *Rhodococcus qingshengii* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 17] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=rqi

58. Xu J, He J, Wang Z, Wang K, Li W, Tang S, Li S. *Rhodococcus qingshengii* sp. nov., a carbendazim-degrading bacterium. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2007 [consultado 2020 julio 17]; 57(12): 2754–2757. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65095-0>
59. Hamada M, Tamura T, Yamamura H, Suzuki K, Hayakawa M. *Lysinimicrobium mangrovi* gen. nov., sp. nov., an actinobacterium isolated from the rhizosphere of a mangrove. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2012 [consultado 2020 julio 19]; 62(8): 1731-1735 Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.035493-0>
60. KEGG. *Pontimonas salivibrio* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 19] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T05334
61. Cho B, Hardies S, Jang H, Hwang C. Complete genome of streamlined marine actinobacterium *Pontimonas salivibrio* strain CL-TW6T adapted to coastal planktonic lifestyle. BCM genomics [Internet]. 2018 [consultado 2020 julio 19]; 19: 625-645. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6106888/>
62. Tseng M, Liao H, Chiang W, Yuan G. *Isoptericola chiayiensis* sp. nov., isolated from mangrove soil. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2011 [consultado 2020 julio 19]; 61(7): 1667–1670. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.022491-0>
63. Dastager S, Lee J, Ju Y, Park D, Kim C. *Nocardioides islandiensis* sp. nov., isolated from soil in Bigeum Island Korea. Antonie van Leeuwenhoek [Internet]. 2008 [consultado 2020 julio 19]; 93: 401–406. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/5776321_Nocardioides_islandiensis_sp_nov_isolated_from_soil_in_Bigeum_Island_Korea
64. Yang S, Seo H, Woo J, Oh H, Jang H, Lee J, et al. *Carboxylicivirga* gen. nov. in the family Marinilabiliaceae with two novel species, *Carboxylicivirga mesophila* sp. nov. and *Carboxylicivirga taeanensis* sp. nov., and reclassification of *Cytophaga fermentans* as *Saccharicrinis fermentans* gen.

- nov., comb. nov. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2014 [consultado 2020 julio 19]; 64(4): 1351–1358. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.053462-0>
65. Lino T, Sakamoto M, Ohkuma M. *Prolixibacter denitrificans* sp. nov., an iron-corroding, facultatively aerobic, nitrate-reducing bacterium isolated from crude oil, and emended descriptions of the genus *Prolixibacter* and *Prolixibacter bellariivorans*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2015 [consultado 2020 julio 19]; 65(9): 2865–2869. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.000343>
66. Holmes D, Nevin K, Woodard T, Peacock A, Lovley D. *Prolixibacter bellariivorans* gen. nov., sp. nov., a sugar-fermenting, psychrotolerant anaerobe of the phylum *Bacteroidetes*, isolated from a marine-sediment fuel cell. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2007 [consultado 2020 julio 20]; 57(4): 701–707. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64296-0>
67. Nedashkovskaya O, Vancanneyt M, Trappen S, Vandemeulebroecke K, Lysenko A, Rohde M, et al. Description of *Algoriphagus aquimarinus* sp. nov., *Algoriphagus chordae* sp. nov. and *Algoriphagus winogradskyi* sp. nov., from sea water and algae, transfer of *Hongiella halophila* Yi and Chun 2004 to the genus *Algoriphagus* as *Algoriphagus halophilus* comb. nov. and emended descriptions of the genera *Algoriphagus* Bowman et al. 2003 and *Hongiella* Yi and Chun 2004. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2004 [consultado 2020 julio 20]; 54(5): 1757–1764. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02915-0>
68. Yang C, Li Y, Guo Q, Lai Q, Zheng T, Tian Y. *Algoriphagus zhangzhouensis* sp. nov., isolated from mangrove sediment. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2013 [consultado 2020 julio 20]; 63(5): 1621–1626. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.044271-0>
69. KEGG. *Cyclobacterium marinum* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 20] Disponible en: https://www.kegg.jp/kegg-bin/show_organism?org=cmr

70. Wang H, Li J, Zheng T, Hill R, Hu X. *Imperialibacter roseus* gen. nov., sp. nov., a novel bacterium of the family *Flammeovirgaceae* isolated from Permian groundwater. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2013 [consultado 2020 julio 20]; 63(11): 4136–4140. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.052662-0>
71. Chen L, Xu H, Fu S, Fan H, Zhou Y, Liu Z. *Lishizhenia tianjinensis* sp. nov., isolated from coastal seawater. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2009 [consultado 2020 julio 20]; 59(10): 2400–2403. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.008524-0>
72. KEGG. *Owenweeksia hongkongensis* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 20] Disponible en: https://www.kegg.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=genome_info&org=oho
73. Hyeon S, Su M, Mi H, Lee K, Park W, Ok C. *Aestuariibaculum suncheonense* gen. nov., sp. nov., a marine bacterium of the family *Flavobacteriaceae* isolated from a tidal flat and emended descriptions of the genera *Gaetbulibacter* and *Tamlana*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2013 [consultado 2020 julio 20]; 63(1): 332–338. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.037846-0>
74. Nedashkovskaya O, Vancanneyt M, Cleenwerck I, Snauwaert C, Bum S, Lysenko A, et al. *Arenibacter palladensis* sp. nov., a novel marine bacterium isolated from the green alga *Ulva fenestrata*, and emended description of the genus *Arenibacter*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2006 [consultado 2020 julio 20]; 56(1): 155–160. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63893-0>
75. Nedashkovskaya O, Suzuki M, Vysotskii M, Mikhailov V. *Arenibacter troitsensis* sp. nov., isolated from marine bottom sediment. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2003 [consultado 2020 julio 20]; 53(5): 1287–1290. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02384-0>

76. Yoon J, Adachi K, Kasai H. *Citreitalea marina* gen. nov., sp. nov., a novel member of the family *Flavobacteriaceae* isolated from a marine red alga and emended description of the genus *Gangjinia*. *Antonie van Leeuwenhoek* [Internet]. 2014 [consultado 2020 julio 23]; 106(2): 261-269. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24866884/>
77. Yi H, Oh H, Lee J, Kim S, Chun J. *Flavobacterium antarcticum* sp. nov., a novel psychrotolerant bacterium isolated from the Antarctic. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2005 [consultado 2020 julio 20]; 55(2): 637–641. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63423-0>
78. Park S, Choe H, Baik K, Lee K, Seong C. *Gaetbulibacter aestuarii* sp. nov., isolated from shallow coastal seawater, and emended description of the genus *Gaetbulibacter*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2012 [consultado 2020 julio 23]; 62(1): 150–154. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.028944-0>
79. Khan S, Nakagawa Y, Harayama S. *Sediminibacter furfurosus* gen. nov., sp. nov. and *Gilvibacter sediminis* gen. nov., sp. nov., novel members of the family *Flavobacteriaceae*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2007 [consultado 2020 julio 23]; 57(2): 265–269. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64628-0>
80. Hameed A, Shahina M, Lai W, Lin S, Liu Y, Hsu Y, et al. *Hanstruepera neustonica* gen. nov., sp. nov., a zeaxanthin-producing member of the family *Flavobacteriaceae* isolated from estuarine water, and emendation of *Sediminibacter furfurosus* Khan et al. 2007 emend. Kwon et al. 2014, *Mangrovimonas yunxiaonensis* Li et al. 2013, *Antarcticimonas flava* Yang et al. 2009 and *Hoppeia youngheungensis* Kwon et al. 2014. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2015 [consultado 2020 julio 23]; 65(2): 336–345. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.066852-0>
81. Yoon J, Kang S, Jung Y, Oh T. *Aestuariicola saemankumensis* gen. nov., sp. nov., a member of the family *Flavobacteriaceae*, isolated from tidal flat

- sediment. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2008 [consultado 2020 julio 23]; 58(9): 2126–2131. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65717-0>
82. Kim Y, Park S, Nam B, Jung Y, Kim D, Bae K, et al. Description of *Lutimonas halocynthiae* sp. nov., isolated from a golden sea squirt (*Halocynthia aurantium*), reclassification of *Aestuariicola saemankumensis* as *Lutimonas saemankumensis* comb. nov. and emended description of the genus *Lutimonas*. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2014 [consultado 2020 julio 23]; 64(6): 1984–1990. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.059923-0>
83. Hu J, Yang Q, Ren Y, Zhang W, Zheng G, Sun C, et al. *Maribacter thermophilus* sp. nov., isolated from an algal bloom in an intertidal zone, and emended description of the genus *Maribacter*. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2015 [consultado 2020 julio 23]; 65(1): 36-41. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.064774-0>
84. Lee S, Park S, Oh T, Yoon J. *Muricauda beolgyonensis* sp. nov., isolated from a tidal flat. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2012 [consultado 2020 julio 23]; 62(5): 1134-1139. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.032581-0>
85. Kwon K, Lee S, Park J, Ahn T, Lee H. *Psychroserpens mesophilus* sp. nov., a mesophilic marine bacterium belonging to the family *Flavobacteriaceae* isolated from a young biofilm. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2006 [consultado 2020 julio 23]; 56(5): 1055–1058. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64171-0>
86. Hameed A, Shahina M, Lin S, Lai W, Liu Y, Hsu Y, et al. *Robertkochia marina* gen. nov., sp. nov., of the family *Flavobacteriaceae*, isolated from surface seawater, and emended descriptions of the genera *Joostella* and *Galbibacter*. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2014 [consultado 2020 julio 26]; 64(2): 533–539. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.054627-0>

87. Nedashkovskaya O, Kim S, Lysenko A, Mikhailov V, Bae K, Kim I. *Salegentibacter mishustinae* sp. nov., isolated from the sea urchin *Strongylocentrotus intermedius*. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2005 [consultado 2020 julio 26]; 55(1): 235–238. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63297-0>
88. Kwon K, Lee H, Jung H, Kang J, Kim S. *Yeosuana aromativorans* gen. nov., sp. nov., a mesophilic marine bacterium belonging to the family *Flavobacteriaceae*, isolated from estuarine sediment of the South Sea, Korea. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2006 [consultado 2020 julio 26]; 53(4): 727–732. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64073-0>
89. Chen Z, Lei X, Lai Q, Li Y, Zhang B, Zhang J, et al. *Phaeodactylibacter xiamenensis* gen. nov., sp. nov., a member of the family *Saprospiraceae* isolated from the marine alga *Phaeodactylum tricornutum*. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2014 [consultado 2020 julio 26]; 64(10): 3496–3502. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.063909-0>
90. Takeuchi M, Yokota A. Proposals of *Sphingobacterium faecium* sp. nov., *Sphingobacterium piscium* sp. nov., *Sphingobacterium heparinum* comb. nov., *Sphingobacterium thalophilum* comb. nov., and two genospecies of the genus *Sphingobacterium* and synonymy of *Flavobacterium yabuuchiae* and *Sphingobacterium spiritivorum*. The Journal of General and Applied Microbiology [Internet]. 1992 [consultado 2020 julio 26]; 38: 465–482. Disponible en: DOI: [10.2323/jgam.38.465](https://doi.org/10.2323/jgam.38.465)
91. KEGG. *Chlorobaculum parvum* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 26] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T00725
92. KEGG. *Chlorobium limicola* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 26] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T00766
93. KEGG. *Chlorobium luteolum* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 26] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T00291

- 94.KEGG. *Prosthecochloris aestuarii* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 26]
Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T00732
- 95.Petroutsos D, Katapodis P, Samiotaki M, Panayotou G, Kekos D.
Detoxification of 2,4-dichlorophenol by the marine microalga *Tetraselmis marina*. Phytochemistry [Internet]. 2008 [consultado 2020 julio 26]; 69(3): 707-714. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2007.09.002>
- 96.KEGG. *Prochlorococcus marinus* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 26]
Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=pmn
- 97.Fujita T, Shida O, Takagi H, Kunugita K, Pankrushina A, Matsubishi M.
Description of *Bacillus carboniphilus* sp. nov. International journal of systematic bacteriology [Internet]. 1996 [consultado 2020 julio 28]; 46(1): 116-118. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-46-1-116>
- 98.KEGG. *Geobacillus thermodenitrificans* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 28] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?org=gtn
- 99.KEGG. *Halobacillus mangrovi* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 28] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=genome_info&org=hmh
100. Yoon J, Kang S, Oh T. Reclassification of *Marinococcus albus* Hao et al. 1985 as *Salimicrobium album* gen. nov., comb. nov. and *Bacillus halophilus* Ventosa et al. 1990 as *Salimicrobium halophilum* comb. nov., and description of *Salimicrobium luteum* sp. nov. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2006 [consultado 2020 julio 31]; 53(4): 727-732. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65003-0>
101. Talon R, Grimont P, Gasser F, Boeufgras J. *Brochothrix campestris* sp. nov. International journal of systematic bacteriology [Internet]. 1988 [consultado 2020 julio 31]; 38(1): 99-102. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-38-1-99>

102. Lee J, Pyun Y, Bae K. Transfer of *Bacillus ehimensis* and *Bacillus chitinolyticus* to the genus *Paenibacillus* with emended descriptions of *Paenibacillus ehimensis* comb. nov. and *Paenibacillus chitinolyticus* comb. nov. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2004 [consultado 2020 julio 31]; 54(3): 929-933. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02765-0>
103. Kuroshima K, Sakane T, Takata R, Yokota A. *Bacillus ehimensis* sp. nov. and *Bacillus chitinolyticus* sp. nov., New Chitinolytic Members of the Genus *Bacillus*. International journal of systematic bacteriology [Internet]. 1996 [consultado 2020 julio 31]; 46(1): 76-80. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-46-1-76>
104. KEGG. *Paenibacillus sabiniae* [Internet]. Japón. [consultado 2020 julio 17] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T03064
105. Pereira S, Albuquerque L, Nobre M, Tiago I, Veríssimo A, Pereira A, et al. *Pullulanibacillus uraniitolerans* sp. nov., una especie acidófila resistente a U(VI) aislada de un efluente de relaves de molino de uranio ácido y descripción modificada del género *Pullulanibacillus*. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2013 [consultado 2020 julio 31]; 63(1): 158-162. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.040923-0>
106. KEGG. *Aerococcus urinaeequi* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 01] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T04249
107. KEGG. *Aerococcus viridans* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 01] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:avs
108. Franzmann P, Höpfl P, Weiss N, Tindall B. Psychrotrophic, lactic acid-producing bacteria from anoxic waters in Ace Lake, Antarctica; *Carnobacterium funditum* sp. nov. and *Carnobacterium alterfunditum* sp. nov. Archives of Microbiology [Internet]. 1991 [consultado 2020 agosto 01]; 156(4): 255-262. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/1793333/>

109. KEGG. *Carnobacterium inhibens* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 01] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=genome_info&org=caw
110. Kim M, Roh S, Nam Y, Yoon J, Bae J. *Carnobacterium jeotgali* sp. nov., isolated from a Korean traditional fermented food. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2009 [consultado 2020 agosto 01]; 59(12): 3168-3171. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.010116-0>
111. Ravot G, Magot M, Fardeau M, Patel B, Thomas P, García J, et al. *Fusibacter paucivorans* gen. nov., sp. nov., an anaerobic, thiosulfate-reducing bacterium from an oil-producing well. International Journal of Systematic Bacteriology [Internet]. 1999 [consultado 2020 agosto 01]; 49(3): 1141-1147. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-49-3-1141>
112. Hauschild A, Holdeman L. *Clostridium celatum* sp.nov., Isolated from Normal Human Feces. International Journal of Systematic Bacteriology [Internet]. 1974 [consultado 2020 agosto 01]; 24(4): 478-481. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-24-4-478>
113. KEGG. *Clostridium perfringens* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 01] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?org=cpe
114. Abraham W, Estrela A, Nikitin D, Smit J, Vancanneyt M. *Brevundimonas halotolerans* sp. nov., *Brevundimonas poindexteræ* sp. nov. and *Brevundimonas staley* sp. nov., prosthecate bacteria from aquatic habitats. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2010 [consultado 2020 agosto 01]; 60(8): 1837-1843. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.016832-0>
115. Fritz I, Strömpl C, Nikitin D, Lysenko A, Abraham W. *Brevundimonas mediterranea* sp. nov., a non-stalked species from the Mediterranean Sea. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet].

- 2005 [consultado 2020 agosto 01]; 55(1): 479-486. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02852-0>
116. Weiner R, Melick M, O'Neill K, Quintero E. *Hyphomonas adhaerens* sp. nov., *Hyphomonas johnsonii* sp. nov. and *Hyphomonas rosenbergii* sp. nov., marine budding and prosthecate bacteria. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2000 [consultado 2020 agosto 01]; 50(2): 459-469. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-50-2-459>
117. Math R, Jeong S, Jin H, Park M, Kim J, Jeon C. *Kordiimonas aestuarii* sp. nov., a marine bacterium isolated from a tidal flat. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2012 [consultado 2020 agosto 01]; 62: 3049-3054. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.038943-0>
118. Denner E, Smith G, Busse H, Schumann P, Narzt T, Polson S, et al. *Aurantimonas coralicida* gen. nov., sp. nov., the causative agent of white plague type II on Caribbean scleractinian corals. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2003 [consultado 2020 agosto 10]; 53(4): 1115-1122. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02359-0>
119. Anderson C, Dick G, Chu M, Cho J, Davis R, Bräuer S, et al. *Aurantimonas manganoxydans*, sp. nov. and *Aurantimonas litoralis*, sp. nov.: Mn(II) oxidizing representatives of a globally distributed clade of alpha-Proteobacteria from the order *Rhizobiales*. Geomicrobiology Journal [Internet]. 2009 [consultado 2020 agosto 10]; 26 (3): 189-198. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2746641/>
120. KEGG. *Methylovirgula ligni* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 10] Disponible en: https://www.kegg.jp/kegg-bin/show_organism?org=mlg
121. Vorob'ev A, Boer W, Folman L, Bodelier P, Doronina N, Suzina N, et al. *Methylovirgula ligni* gen. nov., sp. nov., an obligately acidophilic, facultatively methylotrophic bacterium with a highly divergent *mxoF* gene. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2009

- [consultado 2020 agosto 10]; 59 (10): 2538-2545. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.010074-0>
122. Imhoff J. Transfer of *Rhodopseudomonas acidophila* to the new genus *Rhodoblastus* as *Rhodoblastus acidophilus* gen. nov., comb. nov. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2001 [consultado 2020 agosto 10]; 51 (5): 1863-1866. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-51-5-1863>
123. Bambauer A, Rainey F, Stackebrandt E, Winter J. Characterization of *Aquamicrobium defluvii* gen. nov. sp. nov., a thiophene-2-carboxylate-metabolizing bacterium from activated sludge. Archives of Microbiology [Internet]. 1998 [consultado 2020 agosto 10]; 169 (4): 293-302. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9531630/>
124. Wang X, Jin D, Zhou L, Zhang Z. Draft Genome Sequence of *Aquamicrobium defluvii* Strain W13Z1, a Psychrotolerant Halotolerant Hydrocarbon-Degrading Bacterium. Genome Announcements [Internet]. 2015 [consultado 2020 agosto 10]; 3(4). Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4551884/>
125. Jung M, Shin K, Kim S, Kim S, Park S, Kim J, et al. *Hoeflea halophila* sp. nov., a novel bacterium isolated from marine sediment of the East Sea, Korea. Antonie van Leeuwenhoek [Internet]. 2013 [consultado 2020 agosto 23]; 103(5): 971-978. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23314912/>
126. Martínez P, Ramírez M, Flores J, Rivas R, Igual J, Mateos P, et al. Revision of the taxonomic status of type strains of *Mesorhizobium loti* and reclassification of strain USDA 3471T as the type strain of *Mesorhizobium erdmanii* sp. nov. and ATCC 33669T as the type strain of *Mesorhizobium jarvisii* sp. nov. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2015 [consultado 2020 agosto 10]; 65(6): 1703-1708. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.000164>

127. KEGG. *Mesorhizobium loti* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 11] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T04711
128. KEGG. *Mesorhizobium ciceri* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 11] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/get_linkdb?-t+pathway+gn:T04711
129. Yoon J, Hedlund, B. P. *Pelagicoccus*. Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria [Internet]. 2015 [consultado 2020 agosto 17]; 1-7. Disponible en: [doi:10.1002/9781118960608.gbm01278](https://doi.org/10.1002/9781118960608.gbm01278)
130. Göker M, Antunes A. *Haloplasma*. Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria [Internet]. 2019 [consultado 2020 agosto 17]; 1-8. Disponible en: <https://doi.org/10.1002/9781118960608.gbm01422>
131. HARWOOD C. S, CANALE-PAROLA E. *Spirochaeta isovalerica* sp. nov., a Marine Anaerobe That Forms Branched-Chain Fatty Acids as Fermentation Products. International Journal of Systematic Bacteriology [Internet]. 1983 [consultado 2020 agosto 17]; 33(3): 573-579. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-33-3-573>
132. Jung H-M, Ten L. N, Kim K-H, An D. S, Im W-T, Lee S-T. *Dyella ginsengisoli* sp. nov., isolated from soil of a ginseng field in South Korea. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2009 [consultado 2020 agosto 17]; 59(3): 460-465. Disponible en: [DOI:10.1099/ijs.0.004838-0](https://doi.org/10.1099/ijs.0.004838-0)
133. Weon H-Y, Anandham R, Kim B-Y, Hong S-B, Jeon Y-A, Kwon S-W. *Dyella soli* sp. nov. and *Dyella terrae* sp. nov., isolated from soil. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2009 [consultado 2020 agosto 17]; 59(7): 1685-1690. Disponible en: [DOI:10.1099/ijs.0.004838-0](https://doi.org/10.1099/ijs.0.004838-0)
134. Anandham R, Kwon S-W, Gandhi P, Kim S-J, Weon H-Y, Kim Y-S, Sa T-M, Kim Y-K, Jee H-J. *Dyella thiooxydans* sp. nov., a facultatively chemolithotrophic, thiosulfate-oxidizing bacterium isolated from rhizosphere

- soil of sunflower (*Helianthus annuus* L.). International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2011 [consultado 2020 agosto 17]; 61(2): 392-398. Disponible en: [DOI:10.1099/ijs.0.022012-0](https://doi.org/10.1099/ijs.0.022012-0)
135. KEGG *Dyella thiooxydans* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 17] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=dtx
136. Sawabe T, Ogura Y, Matsumura Y, Feng G, Amin R, Mino S, et al. Updating the *Vibrio* clades defined by multilocus sequence phylogeny: proposal of eight new clades, and the description of *Vibrio tritonius* sp. nov. Frontiers in Microbiology [Internet]. 2013 [consultado 2020 agosto 23]; 4. Disponible en: [DOI:10.3389/fmicb.2013.00414](https://doi.org/10.3389/fmicb.2013.00414)
137. Gomez-Gil B, Fajer-Avila E, Pascual J, Macian M. C, Pujalte M. J, Garay E, Roque A. *Vibrio sinaloensis* sp. nov., isolated from the spotted rose snapper, *Lutjanus guttatus* Steindachner, 1869. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2008 [consultado 2020 agosto 23]; 58(7): 1621-1624. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65719-0>
138. Guerinot M. L, West P. A, Lee J. V, Colwell R. *Vibrio diazotrophicus* sp. nov., a Marine Nitrogen-Fixing Bacterium. International Journal of Systematic Bacteriology [Internet]. 1982 [consultado 2020 agosto 23]; 32(3): 350-357. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-32-3-350>
139. Chang H.W, Roh SW, Kim K.H, Nam Y.D, Jeon CO, Oh H-M, Bae J.W. *Vibrio areninigrae* sp. nov., a marine bacterium isolated from black sand. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2008 [consultado 2020 agosto 23]; 58 (8): 1903-1906. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65726-0>
140. Antony C. P, Doronina N. V, Boden R, Trotsenko Y. A, Shouche Y. S, Murrell J. C. *Methylophaga lonarensis* sp. nov., a moderately haloalkaliphilic methylotroph isolated from the soda lake sediments of a meteorite impact crater. International journal of systematic and evolutionary microbiology

- [internet]. 2011 [consultado 2020 agosto 23]; 62(7): 1613-1618. Disponible en: DOI: [10.1099/ijs.0.035089-0](https://doi.org/10.1099/ijs.0.035089-0)
141. Nishihara H, Igarashi Y, Kodama T. *Hydrogenovibrio marinus* gen. nov., sp. nov., a Marine Obligately Chemolithoautotrophic Hydrogen-Oxidizing Bacterium. International Journal of Systematic Bacteriology [Internet]. 1991 [consultado 2020 agosto 23]; 41(1): 130-133. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-41-1-130>
142. KEGG *Hydrogenovibrio marinus* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 23] Disponible en: https://www.kegg.jp/kegg-bin/show_organism?org=hmar
143. Nelson K. E, Weinel C, Paulsen I. T, Dodson R. J, Hilbert H, Martins dos Santos P, et al. Complete genome sequence and comparative analysis of the metabolically versatile *Pseudomonas putida* KT2440. Environmental Microbiology [Internet]. 2002 [consultado 2020 agosto 28]; 4(12): 799-808. Disponible en: <https://doi.org/10.1046/j.1462-2920.2002.00366.x>
144. KEGG *Pseudomonas putida* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 28] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=ppu
145. WEIMBERG R. Pentose Oxidation by *Pseudomonas fragi*. The journal of biological chemistry [Internet]. 1961 [consultado 2020 agosto 28]; 236(3) 629-635. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/13783864/>
146. KEGG *Pseudomonas fragi* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 28] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=pfz
147. Carrion O, Minana-Galbis D, Montes M. J, Mercade E. *Pseudomonas deceptionensis* sp. nov., a psychrotolerant bacterium from the Antarctic. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2010 [consultado 2020 agosto 28]; 61(10): 2401-2405. Disponible en: DOI: [10.1099/ijs.0.024919-0](https://doi.org/10.1099/ijs.0.024919-0)

148. Ma Y, Rajkumar M, Moreno A, Zhang C, Freitas H. Serpentine endophytic bacterium *Pseudomonas azotoformans* ASS1 accelerates phytoremediation of soil metals under drought stress. *Chemosphere* [Internet]. 2017 [consultado 2020 agosto 28]; 185: 75-85. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2017.06.135>
149. KEGG *Pseudomonas azotoformans* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 28] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?org=pazo
150. Yumoto I, Hirota K, Sogabe Y, Nodasaka Y, Yokota Y, Hoshino T. *Psychrobacter okhotskensis* sp. nov., a lipase-producing facultative psychrophile isolated from the coast of the Okhotsk Sea. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2003 [consultado 2020 agosto 28]; 53(6): 1985-1989. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02686-0>
151. Yumoto I, Hirota K, Kimoto H, Nodasaka Y, Matsuyama H, Yoshimune K. *Psychrobacter piscatorii* sp. nov., a psychrotolerant bacterium exhibiting high catalase activity isolated from an oxidative environment. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2009 [consultado 2020 agosto 29]; 60(1): 205-208. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.010959-0>
152. Romanenko L, Lysenko A.M, Rohde M, Mikhailov V.V, Stackebrandt E. *Psychrobacter maritimus* sp. nov. and *Psychrobacter arenosus* sp. nov., isolated from coastal sea ice and sediments of the Sea of Japan. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2004 [consultado 2020 agosto 29]; 54(5): 1741-1745. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63096-0>
153. Jung S-Y, Lee M-H, Oh T-K, Park Y-H, Yoon J-H. *Psychrobacter cibarius* sp. nov., isolated from jeotgal, a traditional Korean fermented seafood. *International journal of systematic and evolutionary microbiology* [Internet]. 2005 [consultado 2020 agosto 29]; 55(2): 577-582. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63398-0>

154. Wirth S. E, Ayala-del-Rio H. L, Cole J. A., Kohlerschmidt, D. J., Musser, K. A., Sepulveda-Torres, Thompson L.M, Wolfgang W. J. *Psychrobacter sanguinis* sp. nov., recovered from four clinical specimens over a 4-year period. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2011 [consultado 2020 agosto 29]; 62(1): 49-54. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.029058-0>
155. Shivaji S, Reddy G, Suresh K, Gupta P, Chintalapati S, Schumann P, Stackebrandt E, Matsumoto G.I. *Psychrobacter vallis* sp. nov. and *Psychrobacter aquaticus* sp. nov., from Antarctica. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2005 [consultado 2020 agosto 29]; 55(2): 757–762. Disponible en: DOI:[10.1099/ijs.0.03030-0](https://doi.org/10.1099/ijs.0.03030-0)
156. Yoon J-H, Yeo S-H, Oh T-K, Park Y-H. *Psychrobacter alimentarius* sp. nov., isolated from squid jeotgal, a traditional Korean fermented seafood. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2005 [consultado 2020 agosto 29]; 55(1): 171-176. Disponible en: DOI:[10.1099/ijs.0.63140-0](https://doi.org/10.1099/ijs.0.63140-0)
157. KEGG *Psychrobacter alimentarius* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 29] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=pali
158. Li W, Zhang D, Huang X, Qin W. *Acinetobacter harbinensis* sp. nov., isolated from river water. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2014 [consultado 2020 agosto 29]; 64(5): 1507-1513. Disponible en: DOI: [10.1099/ijs.0.055251-0](https://doi.org/10.1099/ijs.0.055251-0)
159. KEGG *Acinetobacter guillouiae* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 03] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=agu
160. Choi A, Cho J-C. *Thalassolituus marinus* sp. nov., a hydrocarbon-utilizing marine bacterium. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2012 [consultado 2020 agosto 03]; 63(6): 2234-2238. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.046383-0>

161. Romanenko L. A, Schumann P, Rohde M, Mikhailov V.V, Stackebrandt E. *Reinekea marinisedimentorum* gen. nov., sp. nov., a novel gammaproteobacterium from marine coastal sediments. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2004 [consultado 2020 agosto 03]; 54(3): 669-673. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02846-0>
162. Lee H-W, Shin, N-R, Lee J, Roh S. W, Whon T. W, Bae J-W. *Neptunomonas concharum* sp. nov., isolated from a dead ark clam, and emended description of the genus *Neptunomonas*. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2011 [consultado 2020 agosto 03]; 62(11): 2657-2661. Disponible en: DOI: [10.1099/ijs.0.037473-0](https://doi.org/10.1099/ijs.0.037473-0)
163. KEGG *Neptunomonas concharum* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 03] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=ncu
164. Wang Z-J, Xie Z-H, Wang C, Du Z-J, Chen G-J. *Motiliproteus sediminis* gen. nov., sp. nov., isolated from coastal sediment. Antonie van Leeuwenhoek [Internet]. 2014 [consultado 2020 agosto 03]; 106(4): 615-621. Disponible en: DOI: [10.1007/s10482-014-0232-2](https://doi.org/10.1007/s10482-014-0232-2)
165. Kumari P, Poddar A, Das S. K. *Marinomonas fungiae* sp. nov., isolated from the coral *Fungia echinata* from the Andaman Sea. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2013 [consultado 2020 agosto 03]; 64(2): 487–494. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.054809-0>
166. Chimetto L. A, Cleenwerck I, Brocchi M, Willems A, De Vos P, Thompson F. L. *Marinomonas brasiliensis* sp. nov., isolated from the coral *Mussismilia hispida*, and reclassification of *Marinomonas basaltis* as a later heterotypic synonym of *Marinomonas communis*. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2010 [consultado 2020 agosto 05]; 61(5): 1170-1175. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.024661-0>

167. Gartner A, Wiese J, Imhoff J. F. *Amphritea atlantica* gen. nov., sp. nov., a gammaproteobacterium from the Logatchev hydrothermal vent field. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2008 [consultado 2020 agosto 05]; 58(1): 34-39. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.65234-0>
168. Graevenitz A.V, Bowman J, Notaro C, Ritzler M. Human Infection with *Halomonas venusta* following Fish Bite. Journal of Clinical Microbiology [Internet]. 2000 [consultado 2020 agosto 05]; 38(8): 3123-3124. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC87208/>
169. KEGG *Halomonas venusta* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 05] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=hvn
170. Romano I, Lama L, Nicolaus B, Poli A, Gambacorta A, Giordano A. *Halomonas alkaliphila* sp. nov., a novel halotolerant alkaliphilic bacterium isolated from a salt pool in Campania (Italy). The Journal of General and Applied Microbiology [Internet]. 2006 [consultado 2020 agosto 05]; 52(6): 339-348. Disponible en: DOI: [10.2323/jgam.52.339](https://doi.org/10.2323/jgam.52.339)
171. KEGG *Halomonas alkaliphila* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 05] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=halk
172. Arahal D. R, Castillo A. M, Ludwig W, Schleifer K. H, Ventosa A. Proposal of *Cobetia marina* gen. nov., comb. nov., within the Family Halomonadaceae, to Include the Species *Halomonas marina*. Systematic and Applied Microbiology [Internet]. 2002 [consultado 2020 agosto 06]; 25(2): 207-211. Disponible en: <https://doi.org/10.1078/0723-2020-00113>
173. KEGG *Cobetia marina* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 06] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=cmai

174. Arahal D. R, García M. T, Ventosa A, Ludwig W, Schleifer K. H. Transfer of *Halomonas canadensis* and *Halomonas israelensis* to the genus *Chromohalobacter* as *Chromohalobacter canadensis* comb. nov. and *Chromohalobacter israelensis* comb. nov. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology [Internet]. 2001 [consultado 2020 agosto 06]; 51(4): 1443-1448. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/00207713-51-4-1443>
175. Kurahashi M, Yokota A. *Endozoicomonas elysicola* gen. nov., sp. nov., a γ -proteobacterium isolated from the sea slug *Elysia ornata*. Systematic and Applied Microbiology [Internet]. 2007 [consultado 2020 agosto 06]; 30(3): 202-206. Disponible en: DOI: [10.1016/j.syapm.2006.07.003](https://doi.org/10.1016/j.syapm.2006.07.003)
176. Schmid M. F, Paredes A. M, Khant H. A, Soyer F, Aldrich H. C, Chiu W, Shively J. M. Structure of *Halothiobacillus neapolitanus* Carboxysomes by Cryo-electron Tomography. Journal of Molecular Biology [Internet]. 2006 [consultado 2020 agosto 06]; 364(3): 526-535. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2006.09.024>
177. KEGG *Halothiobacillus neapolitanus* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 06] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=hna
178. KEGG *Serratia liquefaciens* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 06] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=slq
179. Kampf P, Arun A. B, Young C-C, Rekha P. D, Martin K, Busse, H-J, Chen W-M. *Microbulbifer taiwanensis* sp. nov., isolated from coastal soil. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2011 [consultado 2020 agosto 06]; 62(10): 2485-2489. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.034512-0>
180. Jeong S. H, Yang S-H, Jin H. M, Kim J. M, Kwon K. K, Jeon C. O. *Microbulbifer gwangyangensis* sp. nov. and *Microbulbifer pacificus* sp. nov., isolated from marine environments. International journal of systematic and

- evolutionary microbiology [Internet]. 2012 [consultado 2020 agosto 06]; 63(4): 1335-1341. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.042606-0>
181. KEGG *Pseudoalteromonas translucida* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 09] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=ptn
182. KEGG *Pseudoalteromonas nigrifaciens* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 09] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=png
183. Matsuyama H, Minami H, Kasahara H, Kato Y, Murayama M, Yumoto I. *Pseudoalteromonas arabiensis* sp. nov., a marine polysaccharide-producing bacterium. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2012 [consultado 2020 agosto 09]; 63(5): 1905-1809. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.043604-0>
184. Brettar I, Christen R, Hofle M. *Idiomarina baltica* sp. nov., a marine bacterium with a high optimum growth temperature isolated from surface water of the central Baltic Sea. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2003 [consultado 2020 agosto 09]; 53(2): 407-413. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02399-0>
185. Yoon J.H, Kang S.J, Lee S.Y. *Salinimonas lutimaris* sp. nov., a polysaccharide-degrading bacterium isolated from a tidal flat. Antonie van Leeuwenhoek [Internet]. 2012 [consultado 2020 agosto 09]; 101(4): 803-810. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-011-9695-6>
186. Liebgott P.P, Casalot L, Paillard S, Lorquin J, Labat M. *Marinobacter vinifirmus* sp. nov., a moderately halophilic bacterium isolated from a wine-barrel-decalcification wastewater. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2006 [consultado 2020 agosto 09]; 56(11): 2511-2516. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64368-0>
187. Antunes A, Franca L, Rainey F.A, Huber R, Nobre M.F, Edwards K.J, da Costa M.S. *Marinobacter salsuginis* sp. nov., isolated from the brine-

- seawater interface of the Shaban Deep, Red Sea. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2007 [consultado 2020 agosto 09]; 57(5): 1035-1040. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64862-0>
188. Handley K.M, Hery M, Lloyd J.R. *Marinobacter santoriniensis* sp. nov., an arsenate-respiring and arsenite-oxidizing bacterium isolated from hydrothermal sediment. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2009 [consultado 2020 agosto 09]; 59(4): 886-892. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.003145-0>
189. Kim B.Y, Weon H.Y, Yoo S.H, Kim J.S, Kwon S.W, Stackebrandt E, et al. *Marinobacter koreensis* sp. nov., isolated from sea sand in Korea. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2006 [consultado 2020 agosto 09]; 56(11): 2653-2656. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64231-0>
190. Wang C.Y, Ng C.C, Tzeng W.S, Shyu Y.T. *Marinobacter szutsaonensis* sp. nov., isolated from a solar saltern. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2009 [consultado 2020 agosto 09]; 59(10): 2605-2609. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.008896-0>
191. Gu J, Cai H, Yu S.L, Qu R, Yin B, Guo Y.F, et al. *Marinobacter gudaonensis* sp. nov., isolated from an oil-polluted saline soil in a Chinese oilfield. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2007 [consultado 2020 agosto 09]; 57(2): 250-254. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64522-0>
192. Yi H, Bae K.S, Chun J. *Aestuariibacter salexigens* gen. nov., sp. nov. and *Aestuariibacter halophilus* sp. nov., isolated from tidal flat sediment, and emended description of *Alteromonas macleodii*. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2004 [consultado 2020 agosto 09]; 54(2): 571-576. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.02798-0>

193. KEGG *Arcobacter nitrofigilis* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 09] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/get_linkdb?-t+pathway+gn:T01235
194. KEGG *Arcobacter marinus* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 09] Disponible en: https://www.kegg.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=amar
195. KEGG *Arcobacter halophilus* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 09] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?org=ahs
196. KEGG *Arcobacter mytili* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 09] Disponible en: https://www.kegg.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=amyt
197. KEGG *Arcobacter molluscorum* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 09] Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=amol
198. Narasingarao P, Haggblom M.M. *Pelobacter seleniigenes* sp. nov., a selenate-respiring bacterium. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2007 [consultado 2020 agosto 09]; 57(9): 1937-1942. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64980-0>
199. KEGG *Paraburkholderia fungorum* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 09] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/get_linkdb?-t+pathway+gn:T03799
200. Jung Y.T, Park S, Oh T.K, Yoon J.H. *Erythrobacter marinus* sp. nov., isolated from seawater. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2011 [consultado 2020 agosto 09]; 62(9): 2050-2055. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.034702-0>
201. Wang B, Tan T, Shao Z. *Roseovarius pacificus* sp. nov., isolated from deep-sea sediment. International journal of systematic and evolutionary

- microbiology [Internet]. 2009 [consultado 2020 agosto 10]; 59(5): 1116-1121. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.002477-0>
202. Oh Y-S, Lim H.J, Cha I.T, Im W.T, Yoo J.S, Kang U.G, et al. *Roseovarius halotolerans* sp. nov., isolated from deep seawater. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2009 [consultado 2020 agosto 10]; 59(11): 2718-2723. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.002576-0>
203. Rathgeber C, Yurkova N, Stackebrandt E, Schumann P, Beatty J.T, Yurkov V. *Roseicyclus mahoneyensis* gen. nov., sp. nov., an aerobic phototrophic bacterium isolated from a meromictic lake. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2005 [consultado 2020 agosto 10]; 55(4): 1597-1603. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63195-0>
204. KEGG *Rhodovulum sulfidophilum* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 10] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/get_linkdb?-t+pathway+gn:T04143
205. Srinivas T. N.R, Kumar P.A, Sasikala Ch, Ramana V, Suling J, Imhoff J.F. *Rhodovulum marinum* sp. nov., a novel phototrophic purple non-sulfur alphaproteobacterium from marine tides of Visakhapatnam, India. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2006 [consultado 2020 agosto 10]; 56(7): 1651-1656. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64005-0>
206. Yoon J.H, Lee S.Y, Kang S.J, Lee C.H, Oh T.K. *Pseudoruegeria aquimaris* gen. nov., sp. nov., isolated from seawater of the East Sea in Korea. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2007 [consultado 2020 agosto 10]; 57(3): 542-547. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64594-0>
207. Hameed A, Shahina M, Lin S.Y, Nakayan P, Liu Y.C, Lai W.A, et al. *Youngimonas vesicularis* gen. nov., sp. nov., of the family *Rhodobacteraceae*, isolated from surface seawater, reclassification of *Donghicola xiamenensis*

- Tan et al. 2009 as *Pseudodonghicola xiamenensis* gen. nov., comb. nov. and emended description of the genus *Donghicola* Yoon et al. 2007. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2014 [consultado 2020 agosto 10]; 64(8): 2729-2737. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.060962-0>
208. Romanenko L.A, Tanaka N, Svetashev V.I, Kalinovskaya N.I. *Poseidonocella pacifica* gen. nov., sp. nov. and *Poseidonocella sedimentorum* sp. nov., novel *alphaproteobacteria* from the shallow sandy sediments of the Sea of Japan. Archives of Microbiology [Internet]. 2011 [consultado 2020 agosto 10]; 194(2): 113-121. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00203-011-0736-3>
209. Sheu S. Y, Hsieh T.Y, Young C.C, Chen W.M. *Paracoccus fontiphilus* sp. nov., isolated from a freshwater spring. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2018 [consultado 2020 agosto 10]; 68(6). Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002793>
210. Helsel L.O, Hollis D, Steigerwalt A.G, Morey R.E, Jordan J, Aye T, et al. Identification of “*Haematobacter*,” a New Genus of Aerobic Gram-Negative Rods Isolated from Clinical Specimens, and Reclassification of *Rhodobacter massiliensis* as “*Haematobacter massiliensis* comb. nov.” Journal of Clinical Microbiology [Internet]. 2007 [consultado 2020 agosto 10]; 45(4): 1238-1243. Disponible en: [10.1128/JCM.01188-06](https://doi.org/10.1128/JCM.01188-06)
211. Li A.H, Zhou Y.G. *Frigidibacter albus* gen. nov., sp. nov., a novel member of the family *Rhodobacteraceae* isolated from lake water. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology [Internet]. 2015 [consultado 2020 agosto 10]; 65(4): 1199-1206. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.000080>
212. Yoon J.H, Kang S.J, Oh T.K. *Donghicola eburneus* gen. nov., sp. nov., isolated from seawater of the East Sea in Korea. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2007 [consultado 2020 agosto 10]; 57(1): 73–76. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.64577-0>

213. Jiang L, Xu H, Shao Z, Long M. *Defluviimonas indica* sp. nov., a marine bacterium isolated from a deep-sea hydrothermal vent environment. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2014 [consultado 2020 agosto 10]; 64(6): 2084-2088. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.061614-0>
214. Park M.S, Chung B.S, Lee H.J, Jin H.M, Lee S.S, Oh Y.K, et al. *Citreicella aestuarii* sp. nov., isolated from a tidal flat. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2011 [consultado 2020 agosto 10]; 61(11). Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.028332-0>
215. Gallego S, Vila J, Nieto J.M, Urdiain M, Rosselló R, Grifoll M. *Breoghania corrubedonensis* gen. nov. sp. nov., a novel *alphaproteobacterium* isolated from a Galician beach (NW Spain) after the Prestige fuel oil spill, and emended description of the family *Cohaesibacteraceae* and the species *Cohaesibacter gelatinilyticus*. Systematic and Applied Microbiology [Internet]. 2010 [consultado 2020 agosto 10]; 33(6): 316-321. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2010.06.005>
216. KEGG *Methyloceanibacter caenitepidi* [Internet]. Japón. [consultado 2020 agosto 10] Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/get_linkdb?-t+pathway+gn:T03636
217. Quan Z.X, Bae H.S, Baek J.H, Chen W.F, Im W.T, Lee S.T. *Rhizobium daejeonense* sp. nov. isolated from a cyanide treatment bioreactor. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2005 [consultado 2020 agosto 10]; 55(6): 2543-2549. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63667-0>
218. Mantelin S, Saux M.F.L, Zakhia F, Béna G, Bonneau S, Jeder H, et al. Emended description of the genus *Phyllobacterium* and description of four novel species associated with plant roots: *Phyllobacterium bourgognense* sp. nov., *Phyllobacterium ifriqiyense* sp. nov., *Phyllobacterium leguminum* sp. nov. and *Phyllobacterium brassicacearum* sp. nov. International journal of systematic and evolutionary microbiology [Internet]. 2006 [consultado 2020

- agosto 10]; 56(4): 827-839. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/ijs.0.63911-0>
219. Batista R. A, Rayo M, Talia P, Jackson S. A, O'Leary N. D, et al. From lignocellulosic metagenomes to lignocellulolytic genes: trends, challenges and future prospects. *Biofuels, Bioproducts and Biorefining* [Internet]. 2016 [consultado 2020 agosto 26]; 10(6): 864-882. Disponible en: <https://doi.org/10.1002/bbb.1709>
220. Lam M. Q, Oates N. C, Thevarajoo S, Tokiman L, Goh K. M, McQueen S. J, et al. Genomic analysis of a lignocellulose degrading strain from the underexplored genus *Meridianimaribacter*. *Genomics* [Internet]. 2019 [consultado 2020 agosto 26]; 112(1): 952-960. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2019.06.011>
221. Gadd G. M, Sariaslani S. *Advances in Applied Microbiology*. Volume 97. Países Bajos: Academic Press; 2016.
222. Mahjoubi M, Cappello S, Souissi Y, Jaouani A, Cherif A. *Microbial Bioremediation of Petroleum Hydrocarbon– Contaminated Marine Environments*. INTECH; 2018.
223. Karigar C. S, Rao S. S. Role of Microbial Enzymes in the Bioremediation of Pollutants: A Review. *Enzyme Research* [Internet]. 2011 [consultado 2020 septiembre 02]; 2011(7): 1–11. Disponible en: DOI: [10.4061/2011/805187](https://doi.org/10.4061/2011/805187)
224. Abatenh E, Gizaw B, Tsegaye Z, Wassie M. The Role of Microorganisms in Bioremediation- A Review. *Open Journal of Environmental Biology* [Internet]. 2017 [consultado 2020 septiembre 02]; 1(1): 038-046. Disponible en: DOI: [10.17352/ojeb.000007](https://doi.org/10.17352/ojeb.000007)
225. Finneran K. T, Anderson R. T, Nevin K. P, Lovley D. R. Potential for Bioremediation of Uranium-Contaminated Aquifers with Microbial U(VI) Reduction. *Soil and Sediment Contamination: An International Journal*

[Internet]. 2002 [consultado 2020 septiembre 02]; 11(3): 339–357. Disponible en: <https://doi.org/10.1080/20025891106781>

226. Newsome L, Morris K, Trivedi D, Atherton N, Lloyd J. R. Microbial reduction of uranium (VI) in sediments of different lithologies collected from Sellafield. *Applied Geochemistry* [Internet]. 2014 [consultado 2020 septiembre 02]; 51: 55–64. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.apgeochem.2014.09.00>

Anexos

Anexo 1. Marco legal para los manglares en Colombia.

LEY O RESOLUCIÓN	DEFINICIÓN
Decreto - Ley 2811 de diciembre 18 de 1974	Por la cual se dicta el Código Nacional de Recursos Naturales Renovables y de Protección al medio Ambiente.
Ley 0099 de 23 de diciembre de 1993	Por la cual se crea el Ministerio del Medio Ambiente, se reordena el Sector Público encargado de la gestión y conservación del medio ambiente y los recursos naturales renovables, se organiza el Sistema Nacional Ambiental, SINA, y se dictan otras disposiciones.
Resolución 1602 del 21 de diciembre de 1995, del Ministerio del Medio Ambiente	Por la cual se dictan medidas para garantizar la sostenibilidad de los manglares en Colombia.
Resolución 0257 del 26 de marzo de 1997, del Ministerio del Medio Ambiente	Por la cual se establecen controles mínimos para contribuir a garantizar las condiciones básicas de sostenibilidad de los ecosistemas de manglar y sus zonas circunvecinas.
Resolución 0924 del 16 de octubre de 1997, del Ministerio del Medio Ambiente	Por la cual se establecen términos de referencia para estudios sobre el estado actual y propuestas de zonificación de las áreas de manglar en Colombia.
Resolución 0721 del 31 de julio de 2002, del Ministerio del Medio Ambiente	Por la cual se emite pronunciamiento sobre los estudios y propuestas de zonificación en áreas de manglares presentados por las Corporaciones Autónomas Regionales y de

	Desarrollo Sostenible y se adoptan otras determinaciones.
--	---

Tomado de Álvarez y Álvarez. Legislación Colombiana Relacionada con los Ecosistemas de Manglar. 2017³⁸.

Anexo 2. Artículos seleccionados que contienen los temas principales. Fuente: elaboración propia.

TITULO	AUTOR(ES)	PAÍS DONDE SE REALIZA LA INVESTIGACIÓN	PAÍS DE PUBLICACIÓN	IDIOMA	AÑO	ÁREA DE CONOCIMIENTO DE LA REVISTA QUE PUBLICA	TIPO DE MATERIAL	BASE DE DATOS
Conservación y uso sostenible de los manglares del caribe colombiano	Sanchez H, Ulloa G, Alvarez R.	Colombia	Colombia	Español	1998	Ciencias ambientales	Libro	-
Mangroves of Colombia revisited in an era of open data, global changes, and socio-political transition: Homage to Heliodoro Sánchez-Páez	Blanco J, Álvarez R	Colombia	Colombia	Inglés	2019	Ciencias exactas, Físicas y Naturales	Artículo de investigación	Scielo
Los manglares de Colombia y la recuperación de sus áreas degradadas: revisión bibliográfica y nuevas experiencias	Álvarez R.	Colombia	México	Español	2003	Ciencias ambientales	Artículo de investigación	Redalyc
Metagenómica de suelos: grandes desafíos y nuevas oportunidades biotecnológicas.	Hernández R, Velázquez I, Orozco M, Santoyo G	México	Estados Unidos	Español	2010	Botánica y biología	Artículo de investigación	ResearchGate
The Microbiome of Brazilian Mangrove Sediments as Revealed by Metagenomics	Andreote F, Jiménez D, Chaves D. et al.	Brasil	Estados Unidos	Inglés	2012	Ciencias, ingeniería, medicina y ciencias sociales	Artículo de investigación	NCBI
Transcriptome Characterization and Sequencing-Based identification of Salt-Responsive genes in <i>Millettia pinnata</i> , a SemiMangrove Plant	Huang J, Lu X, Yan H, Chen S, Zhang W, Huang R	China	Japón	Inglés	2012	Biología molecular y genoma	Artículo de investigación	NCBI

Microbial diversity and biogeochemical cycling in soda lakes	Sorokin D, Berben T, Melton E, Overmars L, Vavourakis C, Muyzer G	Países bajos	Alemania	Inglés	2014	Microbiología	Artículo de revisión	NCBI
Biogeochemical cycle of nitrogen in a tropical mangrove ecosystem, east coast of India	Ray R, Majumder N, Das S, Chowdhury C, Kumar T	India	Estados Unidos	Inglés	2014	Ciencias marinas	Artículo de investigación	ScienceDirect
Effects of increased summer flooding on nitrogen dynamics in impounded mangroves	Verhoeven J, Laanbroek H, Rains M, Whigham D	Estados Unidos	Estados Unidos	Inglés	2014	Ciencias ambientales	Artículo de investigación	ScienceDirect
Recent advances in understanding Colombian mangroves	Polanía J, Urrego L, Agudelo C.	Colombia	Países bajos	Inglés	2015	Ecología	Artículo de investigación	ScienceDirect
Soil and Rhizosphere Associated Fungi in Gray Mangroves (<i>Avicennia marina</i>) from the Red Sea - A Metagenomic Approach	Simoës M, Antunes A, Ottoni C, Shoaib M, Alam I, Alzubaidy H	Arabia Saudita	China	Inglés	2015	Ciencias ómicas y bioinformática	Artículo de investigación	ScienceDirect
Web Resources for Metagenomics Studies	Dudhagara P, Bhavsar S, Bhagat C, Ghelani A, Bhatt S, Patel R.	India	China	Inglés	2015	Ciencias ómicas y bioinformática	Artículo de revisión	ScienceDirect
Spatial Variations of the Methanogenic Communities in the Sediments of Tropical Mangroves	Jing H, Shunyan C, Zhou Z, Wu C, Nagarajan S, Hongbin L.	Singapur	Estados Unidos	Inglés	2016	Ciencias, ingeniería, medicina y ciencias sociales	Artículo de investigación	NCBI
Effects of sea-level rise and climatic changes on mangroves from southwestern littoral of Puerto Rico during the middle and late Holocene	Lisboa M, Lara R, Cuevas E, Mulero E, Da Silvieira L.	Puerto Rico	Países bajos	Inglés	2016	Geoecología	Artículo de investigación	ScienceDirect
Biogeochemical Cycles and Climate Change	Llyina T, Friedlingstein P.	Suiza	Suiza	Inglés	2016	Ciencias naturales y cambio climático	Página web	-

Diagnosing the level of stress on a mangrove species (<i>Laguncularia racemosa</i>) contaminated with oil: A necessary step for monitoring mangrove ecosystems	Reinert F, Ferreira de Pinho C, Alves M	Brasil	Reino Unido	Inglés	2016	Ciencias marinas	Artículo de investigación	NCBI
Diversity and structural complexity of mangrove forest along Puerto Princesa Bay, Palawan Island, Philippines.	Dangan F, Dolorosa R, Sespeñe J, Mendoza N.	Filipinas	Corea	Inglés	2016	Ciencias marinas, salud pública y ciencias sociales	Artículo de investigación	ScienceDirect
Transcriptome Analysis of <i>Ceriops tagal</i> in Saline Environments using RNA-Sequencing	Xiaorong X, Yuhui H, Wei X, Shipeng F, Xi Z, Xiumei, F Jian.	China	Estados Unidos	Inglés	2016	Ciencias, ingeniería, medicina y ciencias sociales	Artículo de investigación	NCBI
Marine protected areas in Colombia: Advances in conservation and barriers for effective governance	Ramírez L.	Colombia	Reino Unido	Inglés	2016	Ciencias naturales, físicas, sociales y política ambiental	Artículo de investigación	ScienceDirect
Insights into bacterioplankton community structure from Sundarbans mangrove ecoregion using Sanger and Illumina MiSeq sequencing approaches: A comparative analysis.	Ghosh A, Bhadury P.	India	Estados Unidos	Inglés	2017	Ciencias ómicas y bioinformática	Artículo de investigación	ScienceDirect
Microbial cellulases – Diversity & biotechnology with reference to mangrove environment: A review.	Behera B, Sethi B, Mishra R, Dutta S, Thatoi H.	India	Egipto	Inglés	2017	Ingeniería genética y biotecnología	Artículo de investigación	ScienceDirect
Polycyclic aromatic hydrocarbons and heavy metals in the Cispata Bay, Colombia: A marine tropical ecosystem.	Burgos S, Navarro A, Marrugo J, Enamorado G, Urango I.	Colombia	Reino Unido	Inglés	2017	Ciencias marinas, salud pública y ciencias sociales	Artículo de investigación	ScienceDirect
Organization of biogeochemical nitrogen pathways with switch-like adjustment in fluctuating soil redox conditions.	Lamba S, Bera S, Rashid M, Medvinsky A.B, Sun GQ, Acquisti C, Chakraborty A, Li BL	India	Reino Unido	Inglés	2017	Ciencias, ingeniería, medicina y ciencias sociales	Artículo de investigación	NCBI

Stratified Bacterial and Archaeal Community in Mangrove and Intertidal Wetland Mudflats Revealed by High Throughput 16 S rRNA Gene Sequencing	Zhou Z, Meng H, Liu Y, Gu JD, Li M.	Hong Kong	Suiza	Inglés	2017	Microbiología	Artículo de investigación	NCBI
Nitrogen fate in a subtropical mangrove swamp: Potential association with seawatergroundwater exchange.	Xiao K, Wu J, Li H, Hong Y, Wilson A, Jiao J, Shananan M.	China	Países bajos	Inglés	2018	Ciencias ambientales	Artículo de investigación	ScienceDirect
Salinity is a key factor driving the nitrogen cycling in the mangrove sediment	Wang H, Gilbert J, Zhu Y, Yang X.	China	Países bajos	Inglés	2018	Ciencias ambientales	Artículo de investigación	ScienceDirect
Estudio metagenómico de la diversidad procariota del ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá, San Antero, Córdoba, Colombia	Abril Flórez A.L, Alfonso Moyano L. D, Arango López D.R, Bermúdez Macías M.Y	Colombia	Colombia	Español	2018	Ciencias ambientales	Trabajo de grado	-
Influence of salinity on the degradation of xenobiotic compounds in rhizospheric mangrove soil	Muñoz A, Mestanza O, Isaza J, Figueroa I, Vanegas J.	Colombia	Reino Unido	Inglés	2019	Ciencias ambientales	Artículo de investigación	ScienceDirect
Important role of forest disturbances in the global biomass turnover and carbon sinks	Pugh T, Arneth A, Kautz M, Poulter B, Smith B	Reino Unido, Alemania, Estados Unidos, Suecia, Australia	Reino Unido	Inglés	2019	Ciencias de la tierra	Artículo de revisión	NCBI
Are methane emissions from mangrove stems a cryptic carbon loss pathway? Insights from a catastrophic forest mortality	Jeffrey L, Reithmaier G, Sippo J, Johnston S, Tait D, Harada Y, Maher D.	Golfo de Carpentaria, Australia	Reino Unido	Inglés	2019	Botánica	Artículo de investigación	NCBI
Land-use and socioeconomic changes related to armed conflicts: A Colombian regional case study	Garcia L, Avila H, Gutierrez R.	Colombia	Estados Unidos	Inglés	2019	Medio ambiente , política ambiental	Artículo de investigación	ScienceDirect
The metagenomic landscape of xenobiotics biodegradation in mangrove sediments	Cabral L, Fontes M, Tarciso S, Vieira G, Júnior L , Richter L.	Brasil	Estados Unidos	Inglés	2019	Ciencia medioambiental, toxicología, mutagénesis, medicina y salud pública	Artículo de investigación	ScienceDirect

Estudio metagenómico de la diversidad eucariota del ecosistema del manglar de la bahía de Cispatá, San Antero, Córdoba.	Casas Velásquez N.A, Hurtado Pulido L.V.	Colombia	Colombia	Español	2019	Ciencias ambientales	Trabajo de grado	-
The Importance of Mangrove Ecosystems for Nature Protection and Food Productivity: Actions of UNESCO's Man and the Biosphere Programme	Clüsener M, Cárdenas M.	Francia	Estados Unidos	Inglés	2016	Ecología y ciencias de la tierra	Artículo de revisión	ScienceDirect
World Mangrove Atlas. The International Society for Mangrove Ecosystems	Spalding M, Blasco F, Field C.	Japón	Japón	Inglés	1997	Ciencias ambientales	Libro	-
World Atlas of Mangroves	Spalding M, Kainuma M, Collins N.	Estados Unidos	Estados Unidos	Inglés	2010	Ciencias ambientales	Libro	-
Mangrove of Colombia	Rodríguez J, Sierra P, Gómez M, Licero L.	Colombia	Países Bajos	Inglés	2016	Ciencias ambientales	Artículo de investigación	ResearchGate
Legislación colombiana relacionada con los ecosistemas de manglar.	Álvarez León R, Álvarez-Puerto J. R.	Colombia	Brasil	Español	2016	Biología Marina, Oceanografía y Bioecología	Artículo de investigación	ResearchGate
Microbial community structure of soils in Bamenwan mangrove wetland	Liu M, Huang H, Bao S, Tong Y.	China	Reino Unido	Inglés	2019	Ciencias naturales y clínicas	Artículo de investigación	ResearchGate
The role of sediment microorganisms in the productivity, conservation, and rehabilitation of mangrove ecosystems: an overview	Holguin G, Vazquez P, Bashan Y.	México	Alemania	Inglés	2001	Ciencias ambientales	Artículo de revisión	ResearchGate
Potential microbial diversity in mangrove ecosystems: A review	Sahoo K, Dhal N.	India	India	Inglés	2009	Ciencias marinas y Geociencias	Artículo de revisión	NISCAIR Online Periodicals Repository

Efecto de ácidos húmicos sobre el crecimiento y la composición bioquímica de <i>Arthrospira platensis</i>	Rivera M. Gómez L. Guillermo J.	Colombia	Colombia	Español	2017	Biotecnología	Artículo de investigación	Scielo
Cambio global: impacto de la actividad humana sobre el sistema Tierra	Duarte C, Alonso S, Benito G, Dachs J, Montes C, Pardo M, Aida F.	España	España	Español	2006	Ciencias medioambientales	Libro	-
Dinámica del ciclo del nitrógeno y fósforo en suelos	Cerón Rincón L.A, Aristizábal Gutiérrez F.A.	Colombia	Colombia	Español	2012	Biotecnología	Artículo de revisión	Scielo
<i>Methanobacterium arcticum</i> sp. nov., a methanogenic archaeon from Holocene Arctic permafrost	Shcherbakova V, Rivkina E, Pecheritsyna S, Laurinavichius K, Suzina N, Gilichinsky D.	Rusia	suiza	Inglés	2015	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
Methane Production from Formate by Syntrophic Association of <i>Methanobacterium bryantii</i> and <i>Desulfovibrio vulgaris</i> JJ	Guyott J, Brauman A.	México	Estados Unidos	Inglés	1986	Microbiología aplicada y ecología microbiana	Artículo de investigación	NCBI
<i>Methanoculleus taiwanensis</i> sp. nov., a methanogen isolated from deep marine sediment at the deformation front area near Taiwan	Weng Y, Chen S, Lai M, Wu S, Lin S, Yang T, et al.	Taiwán	Reino Unido	Inglés	2011	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Methanosaeta harundinacea</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Methanobus profundus</i> sp. nov., a methylophilic methanogen isolated from deep subsurface sediments in a natural gas field	Mochimaru H, Tamaki H, Hanada S, Imachi H, Nakamura K, Sakata S, Kamagata Y.	Japón	Reino Unido	Inglés	2009	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Methanosarcina horonobensis</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG <i>Methanosarcina siciliae</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-

<i>Mycobacterium madagascariense</i> sp. nov.	Kazda J, Müller H, Stackebrandt E, Daffe M, Müller K, Pitulle C.	Madagascar	Reino Unido	Inglés	1992	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Mycobacterium moriokaense</i> sp. nov., a Rapidly Growing, Nonphotochromogenic Mycobacterium	Tsukamura M, Yano I, Imaeda T.	Japón	Reino Unido	Inglés	1986	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Rhodococcus erythropolis</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
Proteomes – <i>Rhodococcus erythropolis</i> (strain PR4 / NBRC 100887)	UniProt Consortium	Reino Unido, Suiza, Estados Unidos	Reino Unido, Suiza, Estados Unidos	Inglés	*2020	Base de datos sobre proteínas	Página Web	-
Biodegradación de residuos de estaciones de servicio y lavaderos industriales por la cepa <i>Rhodococcus erythropolis</i> ohp - al - gp.	Pucci O, Acuña A, Pucci G.	Argentina	Colombia	Inglés	2013	Microbiología, Biología	Artículo de investigación	Scielo
KEEG <i>Rhodococcus qingshengii</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Rhodococcus qingshengii</i> sp. nov., a carbendazim-degrading bacterium	Xu J, He J, Wang Z, Wang K, Li W, Tang S, Li S.	China	Reino Unido	Inglés	2007	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Lysinimicrobium mangrovi</i> gen. nov., sp. nov., an actinobacterium isolated from the rhizosphere of a mangrove	Hamada M, Tamura T, Yamamura H, Suzuki K, Hayakawa M.	Japón	Reino Unido	Inglés	2012	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEEG <i>Pontimonas salivibrio</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
Complete genome of streamlined marine actinobacterium <i>Pontimonas salivibrio</i> strain CL - TW6T adapted to coastal planktonic lifestyle	Cho B, Hardies S, Jang H, Hwang C.	Corea	Reino Unido	Inglés	2018	Bioquímica, Genética y Biología Molecular	Artículo de investigación	NCBI
<i>Isoptericola chiayiensis</i> sp. nov., isolated from mangrove soil	Tseng M, Liao H, Chiang W, Yuan G.	Taiwán	Reino Unido	Inglés	2011	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society

<i>Nocardiooides islandiensis</i> sp. nov., isolated from soil in Bigeum Island Korea	Dastager S, Lee J, Ju Y, Park D, Kim C.	Corea	Países bajos	Inglés	2008	Bioquímica, Biología Molecular y Microbiología	Artículo de investigación	ResearchGate
<i>Carboxylicivirga</i> gen. nov. in the family <i>Marinilabiliaceae</i> with two novel species, <i>Carboxylicivirga mesophila</i> sp. nov. And <i>Carboxylicivirga taeansensis</i> sp. nov., and reclassification of <i>Cytophaga fermentans</i> as <i>Saccharicrinis fermentans</i> gen. nov., comb. nov.	Yang S, Seo H, Woo J, Oh H, Jang H, Lee J, et al.	Corea	Reino Unido	Inglés	2014	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Prolixibacter denitrificans</i> sp. nov., an iron-corroding, facultatively aerobic, nitrate-reducing bacterium isolated from crude oil, and emended descriptions of the genus <i>Prolixibacter</i> and <i>Prolixibacter bellariivorans</i> .	Lino T, Sakamoto M, Ohkuma M.	Japón	Reino Unido	Inglés	2015	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Prolixibacter bellariivorans</i> gen. nov., sp. nov., a sugar-fermenting, psychrotolerant anaerobe of the phylum <i>Bacteroidetes</i> , isolated from a marine-sediment fuel cell	Holmes D, Nevin K, Woodard T, Peacock A, Lovley D.	Estados Unidos	Reino Unido	Inglés	2015	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
Description of <i>Algoriphagus aquimarinus</i> sp. nov., <i>Algoriphagus chordae</i> sp. nov. and <i>Algoriphagus winogradskyi</i> sp. nov., from sea water and algae, transfer of <i>Hongiella halophila</i> Yi and Chun 2004 to the genus <i>Algoriphagus</i> as <i>Algoriphagus halophilus</i> comb. nov. and emended descriptions of the genera <i>Algoriphagus</i> Bowman et al. 2003 and <i>Hongiella</i> Yi and Chun 2004	Nedashkovskaya O, Vancanneyt M, Trappen S, Vandemeulebroeck K, Lysenko A, Rohde M, et al.	Japón	Reino Unido	Inglés	2004	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society

<i>Algoriphagus zhangzhouensis</i> sp. nov., isolated from mangrove sediment	Yang C, Li Y, Guo Q, Lai Q, Zheng T, Tian Y.	China	Reino Unido	Inglés	2013	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Cyclobacterium marinum</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Imperialibacter roseus</i> gen. nov., sp. nov., a novel bacterium of the family <i>Flammeovirgaceae</i> isolated from Permian groundwater	Wang H, Li J, Zheng T, Hill R, Hu X.	Estados Unidos	Reino Unido	Inglés	2013	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Lishizhenia tianjinensis</i> sp. nov., isolated from coastal seawater	Chen L, Xu H, Fu S, Fan H, Zhou Y, Liu Z.	China	Reino Unido	Inglés	2009	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEEG <i>Owenweeksia hongkongensis</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Aestuariatibaculum suncheonense</i> gen. nov., sp. nov., a marine bacterium of the family <i>Flavobacteriaceae</i> isolated from a tidal flat and emended descriptions of the genera <i>Gaetbulibacter</i> and <i>Tamlana</i>	Hyeon S, Su M, Mi H, Lee K, Park W, Ok C.	Corea	Reino Unido	Inglés	2013	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Arenibacter palladensis</i> sp. nov., a novel marine bacterium isolated from the green alga <i>Ulva fenestrata</i> , and emended description of the genus <i>Arenibacter</i>	Nedashkovskaya O, Vancanneyt M, Cleenwerck I, Snauwaert C, Bum S, Lysenko A, et al.	Japón	Reino Unido	Inglés	2006	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Arenibacter troitsensis</i> sp. nov., isolated from marine bottom sediment	Nedashkovskaya O, Suzuki M, Vysotskii M, Mikhailov V.	Japón	Reino Unido	Inglés	2003	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Citreitalea marina</i> gen. nov., sp. nov., a novel member of the family <i>Flavobacteriaceae</i> isolated from a marine red alga and emended description of the genus <i>Gangjinia</i>	Yoon J, Adachi K, Kasai H.	Japón	Países Bajos	Inglés	2014	Bioquímica, Biología Molecular y Microbiología	Artículo de investigación	NCBI

<i>Flavobacterium antarcticum</i> sp. nov., a novel psychrotolerant bacterium isolated from the Antarctic	Yi H, Oh H, Lee J, Kim S, Chun J.	Corea	Reino Unido	Inglés	2005	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Gaetbulibacter aestuarii</i> sp. nov., isolated from shallow coastal seawater, and emended description of the genus <i>Gaetbulibacter</i>	Park S, Choe H, Baik K, Lee K, Seong C.	Corea	Reino Unido	Inglés	2012	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Sediminibacter furfurosus</i> gen. nov., sp. nov. and <i>Gilvibacter sediminis</i> gen. nov., sp. nov., novel members of the family <i>Flavobacteriaceae</i>	Khan S, Nakagawa Y, Harayama S.	Japón	Reino Unido	Inglés	2007	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Hanstruepera neustonica</i> gen. nov., sp. nov., a zeaxanthin producing member of the family <i>Flavobacteriaceae</i> isolated from estuarine water, and emendation of <i>Sediminibacter furfurosus</i> Khan et al. 2007 emend. Kwon et al. 2014, <i>Mangrovimonas yunxiaonensis</i> Li et al. 2013, <i>Antarcticimonas flava</i> Yang et al. 2009 and <i>Hoppeia youngheungensis</i> Kwon et al. 2014	Hameed A, Shahina M, Lai W, Lin S, Liu Y, Hsu Y, et al.	Taiwán	Reino Unido	Inglés	2015	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Aestuariicola saemankumensis</i> gen. nov., sp. nov., a member of the family <i>Flavobacteriaceae</i> , isolated from tidal flat sediment	Yoon J, Kang S, Jung Y, Oh T.	Corea	Reino Unido	Inglés	2008	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society

Description of <i>Lutimonas halocynthiae</i> sp. nov., isolated from a golden sea squirt (<i>Halocynthia aurantium</i>), reclassification of <i>Aestuariicola saemankumensis</i> as <i>Lutimonas saemankumensis</i> comb. nov. and emended description of the genus <i>Lutimonas</i>	Kim Y, Park S, Nam B, Jung Y, Kim D, Bae K, et al.	Corea	Reino Unido	Inglés	2014	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Maribacter thermophilus</i> sp. nov., isolated from an algal bloom in an intertidal zone, and emended description of the genus <i>Maribacter</i>	Hu J, Yang Q, Ren Y, Zhang W, Zheng G, Sun C, et al.	China	Reino Unido	Inglés	2015	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Muricauda beolgyonensis</i> sp. nov., isolated from a tidal flat	Lee S, Park S, Oh T, Yoon J.	Corea	Reino Unido	Inglés	2012	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Psychroserpens mesophilus</i> sp. nov., a mesophilic marine bacterium belonging to the family <i>Flavobacteriaceae</i> isolated from a young biofilm	Kwon K, Lee S, Park J, Ahn T, Lee H.	Corea	Reino Unido	Inglés	2006	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Robertkochia marina</i> gen. nov., sp. nov., of the family <i>Flavobacteriaceae</i> , isolated from surface seawater, and emended descriptions of the genera <i>Joostella</i> and <i>Galbibacter</i>	Hameed A, Shahina M, Lin S, Lai W, Liu Y, Hsu Y, et al.	Taiwán	Reino Unido	Inglés	2014	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Salegentibacter mishustinae</i> sp. nov., isolated from the sea urchin <i>Strongylocentrotus intermedius</i>	Nedashkovskaya O, Kim S, Lysenko A, Mikhailov V, Bae K, Kim I.	Japón	Reino Unido	Inglés	2005	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Yeosuana aromativorans</i> gen. nov., sp. nov., a mesophilic marine bacterium belonging to the family <i>Flavobacteriaceae</i> , isolated from estuarine sediment of the South Sea, Korea	Kwon K, Lee H, Jung H, Kang J, Kim S.	Corea	Reino Unido	Inglés	2006	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society

<i>Phaeodactylibacter xiamenensis</i> gen. nov., sp. nov., a member of the family <i>Saprospiraceae</i> isolated from the marine alga <i>Phaeodactylum tricorutum</i>	Chen Z, Lei X, Lai Q, Li Y, Zhang B, Zhang J, et al.	China	Reino Unido	Inglés	2014	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
Proposals of <i>Sphingobacterium faecium</i> sp. nov., <i>Sphingobacterium piscium</i> sp. nov., <i>Sphingobacterium heparinum</i> comb. nov., <i>Sphingobacterium thalpophilum</i> comb. nov., and two genospecies of the genus <i>Sphingobacterium</i> and synonymy of <i>Flavobacterium yabuuchiae</i> and <i>Sphingobacterium spiritivorum</i>	Takeuchi M, Yokota A.	Japón	Japón	Inglés	1992	Microbiología, Biología molecular y celular	Artículo de investigación	ResearchGate
KEGG <i>Chlorobaculum parvum</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG <i>Chlorobium limicola</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG <i>Chlorobium luteolum</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEEG <i>Prosthecochloris aestuarii</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
Detoxification of 2,4dichlorophenol by the marine microalga <i>Tetraselmis marina</i>	Petroutsos D, Katapodis P, Samiotaki M, Panayotou G, Kekos D.	Estados Unidos	Reino Unido	Inglés	2008	Química Vegetal, Bioquímica, Biología Molecular, Genética y Bioactividades de Fitoquímicos	Artículo de investigación	ScienceDirect
KEGG. <i>Prochlorococcus marinus</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
Description of <i>Bacillus carboniphilus</i> sp. nov.	Fujita T, Shida O, Takagi H, Kunugita K, Pankrushina A, Matsuhashi M.	Japón	Reino Unido	Inglés	1996	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Geobacillus thermodenitrificans</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG <i>Halobacillus mangrovi</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-

Reclassification of <i>Marinococcus albus</i> Hao et al. 1985 as <i>Salimicrobium album</i> gen. nov., comb. nov. and <i>Bacillus halophilus</i> Ventosa et al. 1990 as <i>Salimicrobium halophilum</i> comb. nov., and description of <i>Salimicrobium luteum</i> sp. nov.	Yoon J, Kang S, Oh T.	Corea	Reino Unido	Inglés	2006	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Brochothrix campestris</i> sp. nov.	Talon R, Grimont P, Gasser F, Boeufgras J.	Francia	Reino Unido	Inglés	1988	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
Transfer of <i>Bacillus ehimensis</i> and <i>Bacillus chitinolyticus</i> to the genus <i>Paenibacillus</i> with emended descriptions of <i>Paenibacillus ehimensis</i> comb. nov. and <i>Paenibacillus chitinolyticus</i> comb. nov.	Lee J, Pyun Y, Bae K.	Corea	Reino Unido	Inglés	2004	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Bacillus ehimensis</i> sp. nov. y <i>Bacillus chitinolyticus</i> sp. nov., Nuevos miembros quitinolíticos del género <i>Bacillus</i>	Kuroshima K, Sakane T, Takata R, Yokota A.	Japón	Reino Unido	Inglés	1996	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Paenibacillus sabiniae</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Pullulanibacillus uraniitolerans</i> sp. nov., una especie acidófila resistente a U (VI) aislada de un efluente de relaves de molino de uranio ácido y descripción modificada del género <i>Pullulanibacillus</i>	Pereira S, Albuquerque L, Nobre M, Tiago I, Verissimo A, Pereira A, et al.	Portugal	Reino Unido	Inglés	2013	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Aerococcus urinaeequi</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG <i>Aerococcus viridans</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-

Psychrotrophic, lactic acid producing bacteria from anoxic waters in Ace Lake, Antarctica; <i>Carnobacterium funditum</i> sp. nov. and <i>Carnobacterium alterfunditum</i> sp. nov	Franzmann P, Höpfl P, Weiss N, Tindall B.	Alemania	Alemania	Inglés	1991	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva, genética molecular	Artículo de investigación	NCBI
KEGG <i>Carnobacterium inhibens</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Carnobacterium jeotgali</i> sp. nov., isolated from a Korean traditional fermented food	Kim M, Roh S, Nam Y, Yoon J, Bae J.	Corea	Reino Unido	Inglés	2009	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Fusibacter paucivorans</i> gen. nov., sp. nov., an anaerobic, thiosulfate-reducing bacterium from an oil-producing well	Ravot G, Magot M, Fardeau M, Patel B, Thomas P, García J, et al.	Francia	Reino Unido	Inglés	1999	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Clostridium celatum</i> sp. nov., Isolated from Normal Human Feces	Hauschild A, Holdeman L.	Canadá	Reino Unido	Inglés	1974	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Clostridium perfringens</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Brevundimonas halotolerans</i> sp. nov., <i>Brevundimonas poindexteræ</i> sp. nov. and <i>Brevundimonas staleyi</i> sp. nov., prosthecate bacteria from aquatic habitats	Abraham W, Estrela A, Nikitin D, Smit J, Vancanneyt M.	Estados Unidos	Reino Unido	Inglés	2010	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Brevundimonas mediterranea</i> sp. nov., a non-stalked species from the Mediterranean Sea	Fritz I, Strömpl C, Nikitin D, Lysenko A, Abraham W.	Alemania	Reino Unido	Inglés	2005	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Hyphomonas adhaerens</i> sp. nov., <i>Hyphomonas johnsonii</i> sp. nov. and <i>Hyphomonas rosenbergii</i> sp. nov., marine budding and prosthecate bacteria.	Weiner R, Melick M, O'Neill K, Quintero E.	Estados Unidos	Reino Unido	Inglés	2000	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Kordiimonas aestuarii</i> sp. nov., a marine bacterium isolated from a tidal flat	Math R, Jeong S, Jin H, Park M, Kim J, Jeon C.	Corea	Reino Unido	Inglés	2012	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society

<i>Aurantimonas coralicida</i> gen. nov., sp. nov., the causative agent of white plague type II on Caribbean scleractinian corals.	Denner E, Smith G, Busse H, Schumann P, Narzt T, Polson S, et al.	Estados Unidos	Reino Unido	Inglés	2003	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Aurantimonas manganoxydans</i> , sp. nov. and <i>Aurantimonas litoralis</i> , sp. nov.: Mn(II) oxidizing representatives of a globally distributed clade of alpha-Proteobacteria from the order <i>Rhizobiales</i>	Anderson C, Dick G, Chu M, Cho J, Davis R, Bräuer S, et al.	Canadá	Reino Unido	Inglés	2009	Ciencias de la Tierra y Planetarias, Inmunología y Microbiología	Artículo de investigación	NCBI
KEGG <i>Methylovirgula ligni</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Methylovirgula ligni</i> gen. nov., sp. nov., an obligately acidophilic, facultatively methylotrophic bacterium with a highly divergent <i>mxhF</i> gene	Vorob'ev A, Boer W, Folman L, Bodelier P, Doronina N, Suzina N, et al.	Países bajos	Reino Unido	Inglés	2009	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
Transfer of <i>Rhodopseudomonas acidophila</i> to the new genus <i>Rhodoblastus</i> as <i>Rhodoblastus acidophilus</i> gen. nov., comb. nov.	Imhoff J.	Alemania	Reino Unido	Inglés	2001	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
Characterization of <i>Aquamicrobium defluvii</i> gen. nov. sp. nov., a thiophene-2 carboxylate-metabolizing bacterium from activated sludge	Bambauer A, Rainey F, Stackebrandt E, Winter J.	Alemania	Alemania	Inglés	1998	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva, genética molecular	Artículo de investigación	NCBI
Draft Genome Sequence of <i>Aquamicrobium defluvii</i> Strain W13Z1, a Psychrotolerant Halotolerant Hydrocarbon - Degrading Bacterium	Wang X, Jin D, Zhou L, Zhang Z.	China	Estados Unidos	Inglés	2015	Bioquímica, Genética y Biología Molecular	Artículo de investigación	NCBI
<i>Hoeflea halophila</i> sp. nov., a novel bacterium isolated from marine sediment of the East Sea, Korea	Jung M, Shin K, Kim S, Kim S, Park S, Kim J, et al.	Corea	Países Bajos	Inglés	2013	Bioquímica, Biología Molecular y Microbiología	Artículo de investigación	NCBI
Revision of the taxonomic status of type strains of <i>Mesorhizobium</i>	Martínez P, Ramírez M, Flores	España	Reino Unido	Inglés		Microbiología, Sistemática, Biología	Artículo de investigación	Microbiology Society

<i>loti</i> and reclassification of strain USDA 3471T as the type strain of <i>Mesorhizobium erdmanii</i> sp. nov. and ATCC 33669T as the type strain of <i>Mesorhizobium jarvisii</i> sp. nov.	J, Rivas R, Igual J, Mateos P, et al.				2015	evolutiva		
KEGG. <i>Mesorhizobium loti</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG. <i>Mesorhizobium ciceri</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Pelagicoccus</i>	Yoon J, Hedlund, B. P.	Estados Unidos	Estados Unidos	Inglés	2015	Material científico e información técnica	Artículo de investigación	Wiley
<i>Haloplasma</i>	Göker M, Antunes A.	Estados Unidos	Estados Unidos	Inglés	2019	Material científico e información técnica	Artículo de investigación	Wiley
<i>Spirochaeta isovalerica</i> sp. nov., a Marine Anaerobe That Forms Branched-Chain Fatty Acids as Fermentation Products	Harwood C. S, Canale-Parola E.	Estados Unidos	Reino Unido	Inglés	1983	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Dyella ginsengisoli</i> sp. nov., isolated from soil of a ginseng field in South Korea	Jung H-M, Ten L. N, Kim K-H, An D. S, Im W-T, Lee ST.	Corea del sur	Reino Unido	Inglés	2009	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	PubMed
<i>Dyella soli</i> sp. nov. and <i>Dyella terrae</i> sp. nov., isolated from soil	Weon H-Y, Anandham R, Kim B-Y, Hong S-B, Jeon Y-A, Kwon SW.	Corea	Reino Unido	Inglés	2009	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	PubMed
<i>Dyella thiooxydans</i> sp. nov., a facultatively chemolithotrophic, thiosulfate-oxidizing bacterium isolated from rhizosphere soil of sunflower (<i>Helianthus annuus</i> L.)	Anandham R, Kwon S-W, Gandhi P, Kim S-J, Weon H-Y, Kim Y-S, et al.	Corea	Reino Unido	Inglés	2011	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	ResearchGate
KEGG <i>Dyella thiooxydans</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
Updating the <i>Vibrio</i> clades defined by multilocus sequence phylogeny: proposal of eight new clades, and the description of <i>Vibrio tritonius</i> sp. nov.	Sawabe T, Ogura Y, Matsumura Y, Feng G, Amin R, Mino S, et al.	Japón	Estados Unidos	Inglés	2013	Microbiología	Artículo de investigación	NCBI

<i>Vibrio sinaloensis</i> sp. nov., isolated from the spotted rose snapper, Lutjanus guttatus Steindachner, 1869.	Gomez-Gil B, Fajer-Avila E, Pascual J, Macian M. C, Pujalte M. J, Garay E, et al.	México	Reino Unido	Inglés	2008	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Vibrio diazotrophicus</i> sp. nov., a Marine Nitrogen-Fixing Bacterium.	Guerinot M. L, West P. A, Lee J. V, Colwell R.	Canadá	Reino Unido	Inglés	1982	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Vibrio areninigrae</i> sp. nov., a marine bacterium isolated from black sand	Chang H.W, Roh SW, Kim K.H, Nam Y.D, Jeon CO, Oh H-M, Bae J.W.	Corea	Reino Unido	Inglés	2008	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Methylophaga lonarensis</i> sp. nov., a moderately haloalkaliphilic methylotroph isolated from the soda lake sediments of a meteorite impact crater.	Antony C. P, Doronina N. V, Boden R, Trotsenko Y. A, Shouche Y. S, Murrell J. C.	India	Reino Unido	Inglés	2011	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	PubMed
<i>Hydrogenovibrio marinus</i> gen. nov., sp. nov., a Marine Obligately Chemolithoautotrophic HydrogenOxidizing Bacterium	Nishihara H, Igarashi Y, Kodama T.	Japón	Reino Unido	Inglés	1991	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Hydrogenovibrio marinus</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
Complete genome sequence and comparative analysis of the metabolically versatile <i>Pseudomonas putida</i> KT2440.	Nelson K. E, Weinel C, Paulsen I. T, Dodson R. J, Hilbert H, Martins dos Santos P, et al.	Alemania, Estados Unidos	Estados Unidos	Inglés	2002	Material científico e información técnica	Artículo de investigación	Wiley
KEGG <i>Pseudomonas putida</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
Pentose Oxidation by <i>Pseudomonas fragi</i>	Weimberg R.	Estados Unidos	Estados Unidos	Inglés	1961	Bioquímica y Biología Molecular	Artículo de investigación	PubMed
KEGG <i>Pseudomonas fragi</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Pseudomonas deceptionensis</i> sp. nov., a psychrotolerant bacterium from the Antarctic	Carrion O, MinanaGalbis D, Montes M. J, Mercade E.	Antártica	Reino Unido	Inglés	2010	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	PubMed

Serpentine endophytic bacterium <i>Pseudomonas azotoformans</i> ASS1 accelerates phytoremediation of soil metals under drought stress.	Ma Y, Rajkumar M, Moreno A, Zhang C, Freitas H.	Portugal	Reino Unido	Inglés	2017	Química ambiental	Artículo de investigación	ScienceDirect
KEGG <i>Pseudomonas azotoformans</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Psychrobacter okhotskensis</i> sp. nov., a lipase-producing facultative psychrophile isolated from the coast of the Okhotsk Sea	Yumoto I, Hirota K, Sogabe Y, Nodasaka Y, Yokota Y, Hoshino T.	Mar de Ojotsk	Reino Unido	Inglés	2003	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Psychrobacter piscatorii</i> sp. nov., a psychrotolerant bacterium exhibiting high catalase activity isolated from an oxidative environment	Yumoto I, Hirota K, Kimoto H, Nodasaka Y, Matsuyama H, Yoshimune K.	Japón	Reino Unido	Inglés	2009	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Psychrobacter maritimus</i> sp. Nov. and <i>Psychrobacter arenosus</i> sp. nov., isolated from coastal sea ice and sediments of the Sea of Japan.	Romanenko L, Lysenko A.M, Rohde M, Mikhailov V.V, Stackebrandt E.	Japón	Reino Unido	Inglés	2004	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Psychrobacter cibarius</i> sp. nov., isolated from jeotgal, a traditional Korean fermented seafood	Jung S-Y, Lee M-H, Oh T-K, Park YH, Yoon J-H.	Corea	Reino Unido	Inglés	2005	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Psychrobacter sanguinis</i> sp. nov., recovered from four clinical specimens over a 4-year period	Wirth S. E, Ayaladel-Rio H. L, Cole J. A., Kohlerschmidt D. J., Musser K. A, Thompson L.M, et al.	Estados Unidos	Reino Unido	Inglés	2011	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Psychrobacter vallis</i> sp. nov. and <i>Psychrobacter aquaticus</i> sp. nov., from Antarctica.	Shivaji S, Reddy G, Suresh K, Gupta P, Chintalapati S, Schumann P, et al.	Antártica	Reino Unido	Inglés	2005	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	ResearchGate

<i>Psychrobacter alimentarius</i> sp. nov., isolated from squid jeotgal, a traditional Korean fermented seafood	Yoon J-H, Yeo S-H, Oh T-K, Park YH.	Corea	Reino Unido	Inglés	2005	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	PubMed
KEGG <i>Psychrobacter alimentarius</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Acinetobacter harbinensis</i> sp. nov., isolated from river water	Li W, Zhang D, Huang X, Qin W.	China	Reino Unido	Inglés	2014	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	PubMed
KEGG <i>Acinetobacter guillouiae</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Thalassolituus marinus</i> sp. nov., a hydrocarbon-utilizing marine bacterium	Choi A, Cho J-C.	Corea	Reino Unido	Inglés	2012	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Reinekea marinisedimentorum</i> gen. nov., sp. nov., a novel gammaproteobacterium from marine coastal sediments	Romanenko L. A, Schumann P, Rohde M, Mikhailov V.V, Stackebrandt E.	Japón	Reino Unido	Inglés	2004	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Neptunomonas concharum</i> sp. nov., isolated from a dead ark clam, and emended description of the genus Neptunomonas	Lee H-W, Shin, NR, Lee J, Roh S. W, Whon T. W, Bae J-W.	Corea	Reino Unido	Inglés	2011	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Neptunomonas concharum</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Motiliproteus sediminis</i> gen. nov., sp. nov., isolated from coastal sediment	Wang Z-J, Xie Z-H, Wang C, Du Z-J, Chen G-J	China	Países Bajos	Inglés	2014	Bioquímica, Biología Molecular y Microbiología	Artículo de investigación	PubMed
<i>Marinomonas fungiae</i> sp. nov., isolated from the coral <i>Fungia echinata</i> from the Andaman Sea	Umari P, Poddar A, Das S. K.	India	Reino Unido	Inglés	2013	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Marinomonas brasilensis</i> sp. nov., isolated from the coral <i>Mussismilia hispida</i> , and reclassification of <i>Marinomonas basaltis</i> as a later heterotypic synonym of <i>Marinomonas communis</i> .	Chimetto L. A, Cleenwerck I, Brocchi M, Willems A, De Vos P, Thompson F. L.	Brasil	Reino Unido	Inglés	2010	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society

<i>Amphritea atlantica</i> gen. nov., sp. nov., a gammaproteobacterium from the Logatchev hydrothermal vent field.	Gartner A, Wiese J, Imhoff J. F.	Alemania	Reino Unido	Inglés	2008	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
Human Infection with <i>Halomonas venusta</i> following Fish Bite.	Graevenitz A.V, Bowman J, Notaro C, Ritzler M.	Maldivas	Estados Unidos	Inglés	2000	Microbiología	Artículo de investigación	NCBI
KEGG <i>Halomonas venusta</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Halomonas alkaliphila</i> sp. nov., a novel halotolerant alkaliphilic bacterium isolated from a salt pool in Campania (Italy)	Romano I, Lama L, Nicolaus B, Poli A, Gambacorta A, Giordano A.	Italia	Reino Unido	Inglés	2006	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	PubMed
KEGG <i>Halomonas alkaliphila</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
Proposal of <i>Cobetia marina</i> gen. nov., comb. nov., within the Family Halomonadaceae, to Include the Species <i>Halomonas marina</i>	Arahal D. R, Castillo A. M, Ludwig W, Schleifer K. H, Ventosa A.	Alemania, España	Países Bajos	Inglés	2002	Microbiología	Artículo de investigación	ScienceDirect
KEGG <i>Cobetia marina</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
Transfer of <i>Halomonas canadensis</i> and <i>Halomonas israelensis</i> to the genus <i>Chromohalobacter</i> as <i>Chromohalobacter canadensis</i> comb. nov. and <i>Chromohalobacter israelensis</i> comb. nov.	Arahal D. R, García M. T, Ventosa A, Ludwig W, Schleifer K. H.	España, Alemania	Reino Unido	Inglés	2001	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Endozoicomonas elysicola</i> gen. nov., sp. nov., a gamma-proteobacterium isolated from the sea slug <i>Elysia ornata</i>	Kurahashi M, Yokota A.	Japón	Reino Unido	Inglés	2007	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	PubMed
Structure of <i>Halothiobacillus neapolitanus</i> Carboxysomes by Cryo-electron Tomography	Schmid M. F, Paredes A. M, Khant H. A, Soyer F, Aldrich H. C, Chiu W, Shively J. M.	Estados Unidos	Estados Unidos	Inglés	2006	Biología Molecular	Artículo de revisión	ScienceDirect

KEGG <i>Halothiobacillus neapolitanus</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG <i>Serratia liquefaciens</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Microbulbifer taiwanensis</i> sp. nov., isolated from coastal soil.	Kampfer P, Arun A. B, Young C-C, Rekha P. D, Martin K, Busse, H-J, Chen W-M.	Taiwán	Reino Unido	Inglés	2011	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Microbulbifer gwangyangensis</i> sp. nov. and <i>Microbulbifer pacificus</i> sp. nov., isolated from marine environments.	Jeong S. H, Yang S-H, Jin H. M, Kim J. M, Kwon K. K, Jeon C. O.	Corea	Reino Unido	Inglés	2012	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Pseudoalteromonas translucida</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG <i>Pseudoalteromonas nigrifaciens</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Pseudoalteromonas arabiensis</i> sp. nov., a marine polysaccharide- producing bacterium	Matsuyama H, Minami H, Kasahara H, Kato Y, Murayama M, Yumoto I.	Arabia Saudita	Reino Unido	Inglés	2012	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Idiomarina baltica</i> sp. nov., a marine bacterium with a high optimum growth temperature isolated from surface water of the central Baltic Sea	Brettar I, Christen R, Hofle M.	Mar Báltico	Reino Unido	Inglés	2003	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Salinimonas lutimaris</i> sp. nov., a polysaccharide-degrading bacterium isolated from a tidal flat.	Yoon J.H, Kang S. J, Lee S.Y.	Corea	Países Bajos	Inglés	2012	Bioquímica, Biología Molecular y Microbiología	Artículo de investigación	Springer
<i>Marinobacter vinifirmus</i> sp. nov., a moderately halophilic bacterium isolated from a wine barreldecalcification wastewater	Liebgott P.P, Casalot L, Paillard S, Lorquin J, Labat M.	Francia	Reino Unido	Inglés	2006	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society

<i>Marinobacter salsuginis</i> sp. nov., isolated from the brine-seawater interface of the Shaban Deep, Red Sea.	Antunes A, Franca L, Rainey F.A, Huber R, Nobre M. F, Edwards K.J, da Costa M.S.	Estados Unidos, Portugal, Alemania	Reino Unido	Inglés	2007	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Marinobacter santoriniensis</i> sp. nov., an arsenate-respiring and arsenite-oxidizing bacterium isolated from hydrothermal sediment	Handley K.M, Hery M, Lloyd J.R.	Grecia	Reino Unido	Inglés	2009	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Marinobacter koreensis</i> sp. nov., isolated from sea sand in Korea.	Kim B.Y, Weon H. Y, Yoo S.H, Kim J. S, Kwon S.W, Stackebrandt E, et al.	Corea	Reino Unido	Inglés	2006	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Marinobacter szutsaonensis</i> sp. nov., isolated from a solar saltern.	Wang C.Y, Ng C. C, Tzeng W.S, Shyu Y.T.	Taiwán	Reino Unido	Inglés	2009	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Marinobacter gudaonensis</i> sp. nov., isolated from an oil-polluted saline soil in a Chinese oilfield	Gu J, Cai H, Yu S. L, Qu R, Yin B, Guo Y.F, et al.	China	Reino Unido	Inglés	2007	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Aestuariibacter salexigens</i> gen. nov., sp. nov. and <i>Aestuariibacter halophilus</i> sp. nov., isolated from tidal flat sediment, and emended description of <i>Alteromonas macleodii</i>	Yi H, Bae K.S, Chun J.	Corea	Reino Unido	Inglés	2004	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Arcobacter nitrofigilis</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG <i>Arcobacter marinus</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG <i>Arcobacter halophilus</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG <i>Arcobacter mytili</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
KEGG <i>Arcobacter molluscorum</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Pelobacter seleniigenes</i> sp. nov., a selenate-respiring bacterium	Narasingarao P, Haggblom M.M.	Estados Unidos	Reino Unido	Inglés	2007	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Paraburkholderia fungorum</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-

<i>Erythrobacter marinus</i> sp. nov., isolated from seawater	Jung Y.T, Park S, Oh T.K, Yoon J.H.	Corea	Reino Unido	Inglés	2011	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Roseovarius pacificus</i> sp. nov., isolated from deep-sea sediment	Wang B, Tan T, Shao Z.	China	Reino Unido	Inglés	2009	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Roseovarius halotolerans</i> sp. nov., isolated from deep seawater	Oh Y-S, Lim H.J, Cha I.T, Im W.T, Yoo J.S, Kang U. G, et al.	Corea del sur	Reino Unido	Inglés	2009	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Roseicyclus mahoneyensis</i> gen. nov., sp. nov., an aerobic phototrophic bacterium isolated from a meromictic lake	Rathgeber C, Yurkova N, Stackebrandt E, Schumann P, Beatty J.T, Yurkov V.	Canadá	Reino Unido	Inglés	2005	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
KEGG <i>Rhodovulum sulfidophilum</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Rhodovulum marinum</i> sp. nov., a novel phototrophic purple non-sulfur alphaproteobacterium from marine tides of Visakhapatnam, India	Srinivas T. N.R, Kumar P.A, Sasikala Ch, Ramana V, Suling J, Imhoff J.F.	India	Reino Unido	Inglés	2006	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Pseudoruegeria aquimaris</i> gen. nov., sp. nov., isolated from seawater of the East Sea in Korea	Yoon J.H, Lee S.Y, Kang S.J, Lee C.H, Oh T.K.	Corea	Reino Unido	Inglés	2007	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Youngimonas vesicularis</i> gen. nov., sp. nov., of the family <i>Rhodobacteraceae</i> , isolated from surface seawater, reclassification of <i>Donghicola xiamenensis</i> Tan et al. 2009 as <i>Pseudodonghicola xiamenensis</i> gen. nov., comb. nov. and emended description of the genus <i>Donghicola</i> Yoon et al. 2007	Hameed A, Shahina M, Lin S. Y, Nakayan P, Liu Y.C, Lai W.A, et al.	Taiwán	Reino Unido	Inglés	2014	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society

<i>Poseidonocella pacifica</i> gen. nov., sp. nov. and <i>Poseidonocella sedimentorum</i> sp. nov., novel <i>alphaproteobacteria</i> from the shallow sandy sediments of the Sea of Japan	Romanenko L.A, Tanaka N, Svetashev V.I, Kalinovskaya N.I.	Japón	Alemania	Inglés	2011	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva, genética molecular	Artículo de investigación	Springer
<i>Paracoccus fontiphilus</i> sp. nov., isolated from a freshwater spring.	Sheu S.Y, Hsieh T. Y, Young C.C, Chen W.M.	Taiwán	Reino Unido	Inglés	2018	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
Identification of “ <i>Haematobacter</i> ,” a New Genus of Aerobic Gram-Negative Rods Isolated from Clinical Specimens, and Reclassification of <i>Rhodobacter massiliensis</i> as “ <i>Haematobacter massiliensis comb. nov.</i> ”	Helsel L.O, Hollis D, Steigerwalt A.G, Morey R.E, Jordan J, Aye T, et al.	Estados Unidos	Estados Unidos	Inglés	2007	Microbiología	Artículo de investigación	PubMed
<i>Frigidibacter albus</i> gen. nov., sp. nov., a novel member of the family <i>Rhodobacteraceae</i> isolated from lake water	Li A.H, Zhou Y.G.	China	Reino Unido	Inglés	2015	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Donghicola eburneus</i> gen. nov., sp. nov., isolated from seawater of the East Sea in Korea	Yoon J.H, Kang S. J, Oh T.K.	Corea	Reino Unido	Inglés	2007	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Defluviimonas indica</i> sp. nov., a marine bacterium isolated from a deep-sea hydrothermal vent environment	Jiang L, Xu H, Shao Z, Long M.	India	Reino Unido	Inglés	2014	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
<i>Citreicella aestuarii</i> sp. nov., isolated from a tidal flat	Park M.S, Chung B.S, Lee H.J, Jin H.M, Lee S.S, Oh Y.K, et al.	Corea del sur	Reino Unido	Inglés	2011	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society

<i>Breoghania corrubedonensis</i> gen. nov. sp. nov., a novel <i>alphaproteobacterium</i> isolated from a Galician beach (NW Spain) after the Prestige fuel oil spill, and emended description of the family <i>Cohaesibacteraceae</i> and the species <i>Cohaesibacter gelatinilyticus</i>	Gallego S, Vila J, Nieto J.M, Urdiain M, Rosselló R, Grifoll M.	España	Países Bajos	Inglés	2010	Microbiología, Bioquímica, Ecología, Inmunología	Artículo de investigación	ScienceDirect
KEGG <i>Methyloceanibacter caenitepidi</i>	KEGG	Japón	Japón	Inglés	*2020	Plataforma Bioinformática	Página Web	-
<i>Rhizobium daejeonense</i> sp. nov. isolated from a cyanide treatment bioreactor	Quan Z.X, Bae H. S, Baek J.H, Chen W.F, Im W.T, Lee S.T.	Corea, China	Reino Unido	Inglés	2005	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
Emended description of the genus <i>Phyllobacterium</i> and description of four novel species associated with plant roots: <i>Phyllobacterium bourgognense</i> sp. nov., <i>Phyllobacterium ifriqiense</i> sp. nov., <i>Phyllobacterium leguminum</i> sp. nov. and <i>Phyllobacterium brassicacearum</i> sp. nov.	Mantelin S, Saux M.F.L, Zakhia F, Béna G, Bonneau S, Jeder H, et al.	Francia	Reino Unido	Inglés	2006	Microbiología, Sistemática, Biología evolutiva	Artículo de investigación	Microbiology Society
From lignocellulosic metagenomes to lignocellulolytic genes: trends, challenges and future prospects	Batista R. A, Rayo M, Talia P, Jackson S. A, O' Leary N. D, et al.	México, Argentina, Irlanda	Estados Unidos	Inglés	2016	Productos, combustibles y energía sostenibles	Artículo de revisión	Wiley
Genomic analysis of a lignocellulose degrading strain from the underexplored genus <i>Meridianimaribacter</i>	Lam M. Q, Oates N. C, Thevarajoo S, Tokiman L, Goh K. M, McQueen S. J, et al.	Malasia	Estados Unidos	Inglés	2019	Genética, Genómica, Biología computacional	Artículo de investigación	ScienceDirect
Advances in Applied Microbiology. Volume 97	Gadd G. M, Sariaslani S.	Países Bajos	Estados Unidos	Inglés	2016	Microbiología	Libro	-

Microbial Bioremediation of Petroleum Hydrocarbon–Contaminated Marine Environments	Mahjoubi M, Cappello S, Souissi Y, Jaouani A, Cherif A.	Túnez, Italia	Túnez, Italia	Inglés	2018	Ciencia e Ingeniería del petróleo	Libro	-
Role of Microbial Enzymes in the Bioremediation of Pollutants: A Review.	Karigar C. S, Rao S. S.	India	Estados Unidos	Inglés	2011	Genética, Bioquímica, Biología Molecular	Artículo de revisión	ResearchGate
The Role of Microorganisms in Bioremediation- A Review	Abatenh E, Gizaw B, Tsegaye Z, Wassie M.	Etiopía	India	Inglés	2017	Ciencias ambientales	Artículo de revisión	ResearchGate
Potential for Bioremediation of Uranium-Contaminated Aquifers with Microbial U(VI) Reduction	Finneran K. T, Anderson R. T, Nevin K. P, Lovley D. R.	Estados Unidos	Reino Unido	Inglés	2002	Ciencias del Suelo, Agrícolas y Biológicas	Artículo de investigación	ResearchGate
Microbial reduction of uranium (VI) in sediments of different lithologies collected from Sellafield	Newsome L, Morris K, Trivedi D, Atherton N, Lloyd J. R.	Reino Unido	Reino Unido	Inglés	2014	Geoquímica	Artículo de investigación	ScienceDirect

*Año consultado

- No aplica

Anexo 3. Microorganismos procariontes encontrados de sedimento y agua del ecosistema de manglar de la bahía de Cispatá relacionados con los ciclos biogeoquímicos del carbono y nitrógeno. Fuente: elaboración propia.

FILO	MICROORGANISMO	CICLO AL QUE PERTENECE	FUNCIÓN DENTRO DEL CICLO	HÁBITAT	REFERENCIA
------	----------------	------------------------	--------------------------	---------	------------

Euryarchaeota	<i>Methanobacterium arcticum</i>	Carbono	Metanógeno mesofílico, no móvil, hidrogenotrófico. Utiliza H ₂ / CO ₂ y formiato para el crecimiento y generación de metano, pero no de etilo, metanol, etanol, 2-propanol, 2-butanol, metilaminas, metanol / H ₂ o metilamina / H ₂ . El crecimiento no es estimulado por el acetato.	Sedimento	Shcherbakova V, Rivkina E, Pecheritsyna S, Laurinavichius K, Suzina N, Gilichinsky D. ^{4 5} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.021311-0
Euryarchaeota	<i>Methanobacterium bryantii</i>	Carbono	Metanógeno acetoclástico. Utiliza H ₂ /CO ₂ , no es capaz de metabolizar el formiato.	Sedimento	Guyott J, Brauman A. ^{4 6} Disponible en: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC239251/
Euryarchaeota	<i>Methanoculleus taiwanensis</i>	Carbono	Metanógeno mesófilo, hidrogenotrófico. Utiliza formiato y H ₂ / CO ₂ , pero no acetato, alcoholes secundarios, metilaminas, metanol y etanol.	Sedimento	Weng Y, Chen S, Lai M, Wu S, Lin S, Yang T, et al. ^{4 7} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.000062
Euryarchaeota	<i>Methanosaeta harundinacea</i>	Nitrógeno - Carbono	Metanógeno acetoclástico. Realiza la metanogénesis, la extensión de cadena del ácido 2-oxocarboxílico, la biosíntesis de la coenzima 420, presenta el completo CO deshidrogenasa / acetil-CoA sintasa y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH).	Sedimento	KEGG Methanosaeta harundinacea. ^{4 8} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=mhi
Euryarchaeota	<i>Methanlobus profundus</i>	Carbono	Metanógeno mesofílico, metilotrófico, ligeramente halófilo. Produce metano a partir de metanol, monometilamina, dimetilamina y trimetilamina, pero no a partir de H ₂ / CO ₂ , formiato, acetato, etanol o sulfuro de dimetilo.	Sedimento	Mochimaru H, Tamaki H, Hanada S, Imachi H, Nakamura K, Sakata S, Kamagata Y. ^{4 9} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.001677-0
Euryarchaeota	<i>Methanosarcina horonobensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Realiza la metanogénesis, la extensión de cadena del ácido 2-oxocarboxílico, la biosíntesis de la coenzima 420, presenta el completo CO deshidrogenasa / acetil-CoA sintasa, y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH), tiene actividad para la Hidroxilamina reductasa y es capaz de fijar nitrógeno por la enzima Nitrogenasa (molibdeno-hierro).	Sedimento	KEGG Methanosarcina horonobensis. ^{5 0} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T03933

Euryarchaeota	<i>Methanosarcina siciliae</i>	Nitrógeno - Carbono	Realiza la metanogénesis, la extensión de cadena del ácido 2-oxocarboxílico, la biosíntesis de la coenzima 420, presenta el completo CO deshidrogenasa / acetil-CoA sintasa, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH) y es capaz de fijar nitrógeno por la presencia de las enzimas nitrogenasa (molibdeno-hierro) y proteína de hierro vanadio nitrogenasa.	Sedimento	KEGG Methanosarcina siciliae. ^{5 1} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?org=msz
Actinobacteria	<i>Mycobacterium madagascariense</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad ureasa, produce ácido a partir de glucosa, L-arabinosa, fructosa, manitol, ramnosa, sorbitol, xilosa y trehalosa. Posee actividad de la putrescina oxidasa, pero no reduce el nitrato.	Agua	Kazda J, Müller H, Stackebrandt E, Daffe M, Müller K, Pitulle C. ^{5 2} Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-42-4-524
Actinobacteria	<i>Mycobacterium moriokaense</i>	Nitrógeno - Carbono	Reduce el nitrato a nitrito, presenta actividad ureasa, presenta actividad Pirazinamidasa, utiliza como fuente de energía acetato, succinato, malato, piruvato, fumarato, glucosa, D-fructosa, D-manosa, manitol, sorbitol, y n-propanol.	Sedimento	Tsukamura M, Yano I, Imaeda T. ^{5 3} Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-36-2-333
Actinobacteria	<i>Rhodococcus erythropolis</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad metilamina deshidrogenasa, acetato quinasa, nitrato reductasa, nitronato monooxigenasa, anhidrasa carbónica. Realiza la biosíntesis de la coenzima 420, puede degradar varios alcanos (n-alcanos C8-C20, alcanos ramificados, incluido el pristano) y metilbencenos (como el tolueno) (útil en procesos de biorremediación de hidrocarburos).	Sedimento	KEGG Rhodococcus erythropolis. ^{5 4} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?rer:RER_14730 - Proteomes - Rhodococcus erythropolis. ^{5 5} Disponible en: https://www.uniprot.org/proteomes/UP00002204 - Pucci O, Acuña A, Pucci G. ^{5 6} Disponible en: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-548X2013000200002

Actinobacteria	<i>Rhodococcus qingshengii</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad ureasa, nitrato reductasa, metilamina deshidrogenasa, metanol deshidrogenasa, acetato quinasa, realiza la biosíntesis de la coenzima 420, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la glutamato tipo I - amoniaco ligasa, glutamato deshidrogenasa, Glutamato deshidrogenasa específica de NADP y glutamato sintasa (NADPH). Es capaz de degradar carbendazim, uno de los fungicidas de bencimidazol más utilizados.	Sedimento	KEEG Rhodococcus qingshengii. ^{5 7} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=rqi - Xu J, He J, Wang Z, Wang K, Li W, Tang S, Li S. ^{5 8} Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijms.0.65095-0?crawler=true
Actinobacteria	<i>Lysinimicrobium mangrovi</i>	Carbono	Produce ácido a partir de la amigdalina, l-arabinosa, arbutina, d-celobiosa, d-fructosa, d-galactosa, gentiobiosa, d-glucosa, glucógeno, d-lactosa, d-maltosa, d-manosa, l-ramnosa, d-ribosa, salicina, almidón, d-sacarosa, d-trehalosa y d-xilosa. Tiene actividad de leucina arilamidasa, β-galactosidasa y α- y β-glucosidasa.	Sedimento	Hamada M, Tamura T, Yamamura H, Suzuki K, Hayakawa M. ^{5 9} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijms.0.035493-0
Actinobacteria	<i>Pontimonas salivibrio</i>	Nitrógeno - Carbono	Estrictamente aeróbica, fotoheterótrofo, presenta actividad glucoquinasa, acetato quinasa, fosfato acetiltransferasa, acetil-CoA sintetasa, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH).	Agua	KEEG Pontimonas salivibrio. ^{6 0} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T05334 - Cho B, Hardies S, Jang H, Hwang C. ^{6 1} Disponible en: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6106888/
Actinobacteria	<i>Isoptericola chiayiensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Hidroliza la adenina, esculina, hipurato y almidón y peptoniza la leche, utiliza como fuente de energía la celobiosa, fructosa, glucosa, manitol, ramnosa, sacarosa y xilosa.	Sedimento	Tseng M, Liao H, Chiang W, Yuan G. ^{6 2} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijms.0.022491-0
Actinobacteria	<i>Nocardioides islandensis</i>	Carbono	Microorganismos aeróbico, degrada el almidón, tiene actividad fosfatasa, b-glucosidasa, utiliza como fuente de energía glucosa, lactosa, manosa, almidón, trehalosa y xilosa. Arabinosa, celobiosa, fructosa, galactosa, inositol, maltosa, manitol, rafinosa, ramnosa, no produce ácido a partir de ninguno de estos azúcares.	Sedimento	Dastager S, Lee J, Ju Y, Park D, Kim C. ^{6 3} Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/5776321_Nocardioides_islandensis_sp_nov_isolated_from_soil_in_Bigeum_Island_and_Korea

Bacteroidetes	<i>Carboxylicivirga mesophila</i>	Nitrógeno - Carbono	Bacterias mesófila, facultativamente anaerobia, presenta actividad fosfatasa ácida, fosfatasa alcalina, esterasa lipasa (C8), leucina arilamidasa, tripsina, ureasa, β-galactosidasa, β-glucosidasa y N -acetil-glucosaminidasa. Los principales productos de fermentación de mezclas de glucosa, celobiosa y almidón son formiato, acetato, propionato y succinato.	Sedimento	Yang S, Seo H, Woo J, Oh H, Jang H, Lee J, et al. ^{6 4} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.053462-0
Bacteroidetes	<i>Prolixibacter bellariivorans</i>	Carbono	Bacteria anaerobia facultativa psicrotolerante, pueden fermentar azúcares por una vía de fermentación de ácido mixto, en condiciones anaeróbicas puede fermentar arbutina, celobiosa, aesculina, galactosa, lactosa, maltosa, manosa, melezitosa, melibiosa, metil d -glucósido, rafinosa, salicina, almidón, sacarosa, trehalosa, turanosa, xilosa y extracto de levadura. El H ₂ / CO ₂ , sulfuro, azufre elemental, tiosulfato, sulfito, amonio y nitrito no se utilizan como donantes de electrones alternativos.	Sedimento	Lino T, Sakamoto M, Ohkuma M. ^{6 5} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.000343 - Holmes D, Nevin K, Woodard T, Peacock A, Lovley D. ^{6 6} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.64296-0
Bacteroidetes	<i>Algoriphagus halophilus (Hasta 2004 - Hongiella halophila)</i>	Carbono	Hidroliza el almidón y forma ácido de d -glucosa, d- maltosa, dl -xilosa y N-acetilglucosamina.	Sedimento	Nedashkovskaya O, Vancanneyt M, Trappen S, Vandemeulebroecke K, Lysenko A, Rohde M, et al. ^{6 7} Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijs.0.02915-0#tab2
Bacteroidetes	<i>Algoriphagus zhangzhouensis</i>	Carbono	Bacteria anaerobia estricta, presenta actividad β-galactosidasa, α-glucosidasa, β-glucosidasa, N -acetil-β-glucosaminidasa y α-manosidasa. Hidroliza la gelatina, d -glucosa, d-manosa y maltosa. Es capaz de degradar el petróleo.	Sedimento	Yang C, Li Y, Guo Q, Lai Q, Zheng T, Tian Y. ^{6 8} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.044271-0

Bacteroidetes	<i>Cyclobacterium marinum</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad nitrato reductasa, ferredoxina-nitrato reductasa, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de glutamato deshidrogenasa, glutamina sintetasa y glutamato sintasa (NADPH). Puede participar en la formación de acetato por la acetil-CoA sintetasa y en la formación de formiato formiato deshidrogenasa (NADP+)	Sedimento	KEGG Cyclobacterium marinum. ^{6 9} Disponible en: https://www.kegg.jp/kegg-bin/show_organism?org=cmr
Bacteroidetes	<i>Imperialibacter roseus</i>	Carbono	Hidroliza el almidón, posee actividad de quimotripsina y N- acetilglucosaminidasa. Produce ácidos a partir de galactosa, glucosa, metil α - d- manospiranósido, metil- α - d- glucósido, N- acetilglucosamina, arbutina, lactosa y melibiosa. Asimila la glucosa, fructosa, manosa, arbutina, aesculina, melibiosa, l -fluosa y 5- ceto - d- gluconato.	Sedimento	Wang H, Li J, Zheng T, Hill R, Hu X. ^{7 0} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.052662-0
Bacteroidetes	<i>Lishizhenia tianjinensis</i>	Carbono	Tiene actividad β - galactosidasa y N- acetil- β - glucosaminidasa.	Sedimento	Chen L, Xu H, Fu S, Fan H, Zhou Y, Liu Z. ^{7 1} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.008524-0
Bacteroidetes	<i>Owenweeksia hongkongensis</i>	Nitrógeno	Presenta actividad óxido nitroso reductasa y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de glutamato deshidrogenasa.	Sedimento	KEEG Owenweeksia hongkongensis. ^{7 2} Disponible en: https://www.kegg.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=oho
Bacteroidetes	<i>Aestuariibaculum suncheonense</i>	Nitrógeno - Carbono	Bacteria estrictamente aeróbia, hidroliza el almidón, produce ácido a partir de d -glucosa, d -fructosa, lactosa, d -galactosa, d-manosa y sacarosa, pero no de melibiosa y rafinosa. Reduce nitrato a nitrito. Presenta actividad α -galactosidasa, β -galactosidasa, α -glucosidasa y acetil- β -glucosaminidasa.	Sedimento	Hyeon S, Su M, Mi H, Lee K, Park W, Ok C. ^{7 3} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.037846-0
Bacteroidetes	<i>Arenibacter palladensis</i>	Carbono	Forma ácido a partir de d -glucosa, d- lactosa, d- maltosa y d- sacarosa. Utiliza como sustrato la tiliza l- arabinosa y d -manosa, pero no manitol, inositol, sorbitol, malonato o citrato.	Sedimento	Nedashkovskaya O, Vancanneyt M, Cleenwerck I, Snauwaert C, Bum S, Lysenko A, et al. ^{7 4} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.63893-0

Bacteroidetes	<i>Arenibacter troitsensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Reduce nitrato a nitrito por la nitrato reductasa. Utiliza la arabinosa, glucosa, lactosa, manosa y sacarosa como únicas fuentes de carbono.	Sedimento	Nedashkovskaya O, Suzuki M, Vysotskii M, Mikhailov V. ^{7 5} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.02384-0
Bacteroidetes	<i>Citreitalea marina</i>	Nitrógeno - Carbono	Reduce el nitrato a nitrito por la nitrato reductasa, hidroliza el almidón, tiene actividad arginina dihidrolasa, lisina descarboxilasa, ornitina descarboxilasa, b-galactosidasa, a-glucosidasa. Produce ácido a partir de glucosa, manosa, amigdalina, arbutina, esculina, citrato férrico, maltosa, lactosa, melibiosa, sacarosa, trehalosa, almidón, glucógeno, gentiobiosa y 5-ceto-gluconato	Sedimento	Yoon J, Adachi K, Kasai H. ^{7 6} Disponible en: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24866884/
Bacteroidetes	<i>Flavobacterium antarcticum</i>	Nitrógeno - Carbono	Bacteria aeróbica, psicrotolerante, presenta actividad para arginina dihidrolasa, α-glucosidasa y N- acetil- β- glucosaminidasa. Produce ácido a partir de d -glucosa y maltosa.	Sedimento	Yi H, Oh H, Lee J, Kim S, Chun J. ^{7 7} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.63423-0
Bacteroidetes	<i>Gaetbulibacter aestuarii</i>	Nitrógeno - Carbono	Bacteria estrictamente aeróbica, hidroliza el almidón, la tirosina, tiene actividad N -acetil-β-glucosaminidasa, β-galactosidasa, β-glucosidasa, valina arilamidasa. Utiliza como sustratos la d -fructosa, d -galactosa, gentiobiosa, α- d -glucosa, α- d-glucosa, maltosa, d -manosa, l- ramnosa, sacarosa, trehalosa y turanosa.	Sedimento	Park S, Choe H, Baik K, Lee K, Seong C. ^{7 8} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.028944-0
Bacteroidetes	<i>Gilvibacter sediminis</i>	Nitrógeno - Carbono	Es una bacteria quimioorganotrofa, reduce el nitrato a nitrito por la nitrato reductasa, presenta actividad β- galactosidasa y β- glucosidasa. Utiliza la l- arabinosa como fuente de carbono.	Agua	Khan S, Nakagawa Y, Harayama S. ^{7 9} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.64628-0

Bacteroidetes	<i>Hanstruepera neustonica</i>	Nitrógeno - Carbono	Bacteria aeróbica, quimioorganoheterotrófica, mesofílica, hidroliza la tirosina y el almidón, asimila la maltosa, d -glucosa, l -arabinosa, d -manosa, N- acetilglucosamina, ácido adípico, ácido málico y citrato trisódico. Utiliza como sustrato la α- d -glucosa, mioinositol , sacarosa, trehalosa, ácido acético, ácido cis -aconítico, ácido α-cetoglutarico, ácido l- glutámico y l ω6- prolina; la α-ciclodextrina, la N- acetil- d- galactosamina y la turanosa. Produce ácido a partir de inositol y sacarosa.	Sedimento	Hameed A, Shahina M, Lai W, Lin S, Liu Y, Hsu Y, et al. ^{8 0} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.066852-0
Bacteroidetes	<i>Lutimonas saemankumensis</i> (Hasta 2014 - <i>Aestuariicola saemankumensis</i>)	Nitrógeno - Carbono	Crece en casaminoácidos, peptona y triptona, presenta actividad leucina arilamidasa, valina arilamidasa, cistina arilamidasa y acetil-β- glucosaminidasa.	Sedimento	Yoon J, Kang S, Jung Y, Oh T. ^{8 1} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.65717-0 - Kim Y, Park S, Nam B, Jung Y, Kim D, Bae K, et al. ^{8 2} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.059923-0
Bacteroidetes	<i>Maribacter thermophilus</i>	Nitrógeno - Carbono	Hidroliza la tirosina, utiliza l -arabinosa, d- fructosa, d -galactosa, d -glucosa, lactosa, d -manitol, d -manosa, rafinosa y d -xilosa como fuentes de carbono, produce ácido a partir de l -arabinosa, d -fructosa, d -galactosa, d -glucosa, lactosa, d -manitol, d -manosa, rafinosa y d -xilosa. Hidroliza la esculina y la gelatina, presenta actividad de β-galactosidasa, α-galactosidasa, β-glucosidasa, N -acetil-β- glucosaminidasa, α-manosidasa, leucina arilamidasa, valina arilamidasa y tripsina.	Sedimento	Hu J, Yang Q, Ren Y, Zhang W, Zheng G, Sun C, et al. ^{8 3} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.064774-0
Bacteroidetes	<i>Muricauda beolgyonensis</i>	Carbono	Produce ácido a partir de celobiosa, d -fructosa, d -galactosa, d -glucosa, lactosa, d -manosa, melezitosa, melibiosa, rafinosa, sacarosa y trehalosa. La celobiosa, d -fructosa, d -glucosa, maltosa, d- manosa, sacarosa, trehalosa, succinato y salicina se utilizan como fuentes únicas de carbono y energía	Sedimento	Lee S, Park S, Oh T, Yoon J. ^{8 4} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.032581-0

Bacteroidetes	<i>Psychroserpens mesophilus</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad lisina descarboxilasa, triptófano desaminasa, reduce el nitrato a nitrito por la nitrato reductasa, reacción de Voges-Proskauer positiva y asimila la glucosa, manosa, manitol, sorbitol, ramnosa, melibiosa, amilosa y arabinosa.	Sedimento	Kwon K, Lee S, Park J, Ahn T, Lee H. ^{8 5} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.64171-0
Bacteroidetes	<i>Robertkochia marina</i>	Nitrógeno - Carbono	Utiliza la lactosa, lactulosa, maltosa, rafinosa, sacarosa, trehalosa, turanosa, xilitol, -ácido glucosamínico, ácido propiónico, ácido quínico, l-alaninamida, l- asparagina, l -ácido aspártico, l- ácido glutámico y l- prolina como fuentes de carbono. Hidroliza la esculina y la gelatina. Presenta actividad esterasa, esterasa lipasa, leucina arilamidasa, valina arilamidasa, cistina arilamidasa, tripsina, α -quimotripsina, N-acetil- β -glucosaminidasa. Produce ácidos a partir de d -glucosa, d -fructosa, citrato férrico de esculina, celobiosa, maltosa, sacarosa, trehalosa, melezitosa, almidón y glucógeno.	Sedimento	Hameed A, Shahina M, Lin S, Lai W, Liu Y, Hsu Y, et al. ^{8 6} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.054627-0
Bacteroidetes	<i>Salegentibacter mishustinae</i>	Nitrógeno - Carbono	Hidroliza gelatina, caseína, elastina, almidón y los ácidos algínicos. Forma ácido a partir de d- maltosa, l- rafinosa y d- sacarosa. Utiliza d -glucosa, d -lactosa, d -sacarosa y d -manosa como fuentes de carbono, presenta actividad β -galactosidasa.	Sedimento - Agua	Nedashkovskaya O, Kim S, Lysenko A, Mikhailov V, Bae K, Kim I. ^{8 7} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.63297-0

Bacteroidetes	<i>Yeosuana aromativorans</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividades de β - glucosidasa, β - galactosidasa y proteasa. Degrada α - ciclodextrina, dextrina, celobiosa, d -fructosa, gentiobiosa, α - d -glucosa, α - d -lactosa, maltosa, d-manosa, sacarosa, metilpiruvato, ácido α - cetobutírico, l- prolina, glucosa 1-fosfato y glucosa 6-fosfato. Utiliza débilmente d - galactosa, α -ácido cetoglutarico, l- alanina, l- alanil glicina, l- asparagina, l -ácido glutámico, glicil l -ácido aspártico, glicil l -ácido glutámico, hidroxil- l- prolina, uridina y l -Treonina como única fuente de carbono. Es capaz de degradar hidrocarburos aromáticos policíclicos, incluidos pireno y BaP.	Sedimento	Kwon K, Lee H, Jung H, Kang J, Kim S. ^{8 8} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijms.0.64073-0
Bacteroidetes	<i>Phaeodactylibacter xiamenensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad ureasa, lisina descarboxilasa, ornitina descarboxilasa, leucina arilamidasa, valina arilamidasa, cistina aminopeptidasa, arginina dihidrolasa, tripsina, α -quimotripsina, α - galactosina, β -galactosidasa, β - glucuronidasa, α -glucosidasa, β -glucosidasa, N -acetil- β - glucosaminidasa y α - fucosidasa. Reduce nitrato a nitrito.	Agua	Chen Z, Lei X, Lai Q, Li Y, Zhang B, Zhang J, et al. ^{8 9} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijms.0.063909-0
Bacteroidetes	<i>Spingobacterium faecium</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad ureasa, β -Glucosidasa y valina arilamidasa. Hidroliza la esculina, utiliza la D-xilosa, L-arabinosa, D-glucosa, D-fructosa, celobiosa, maltosa, sacarosa, rafinosa, almidón e inulina como fuentes de carbono y energía. Produce ácido a partir de salicina, trehalosa, rafinosa, D- y L-arabinosa, L-fucosa, inulina, melibiosa y melecitosa.	Sedimento	Takeuchi M, Yokota A. ^{9 0} Disponible en: DOI: 10.2323/jgam.38.465

Chlorobi	<i>Chlorobaculum parvum</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la acetil-CoA sintetasa, fosfato acetiltransferasa, acetato quinasa, monóxido de carbono deshidrogenasa, reduce nitrato a nitrito por la nitrato reductasa, fija nitrógeno por la proteína de hierro nitrogenasa. Tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la glutamato deshidrogenasa, glutamina sintetasa y glutamato sintasa (NADPH).	Sedimento - Agua	KEGG Chlorobaculum parvum. ^{9 1} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T00725
Chlorobi	<i>Chlorobium limicola</i>	Nitrógeno - Carbono	Reduce nitratos a nitrito por la nitrato reductasa, fija nitrógeno por la nitrogenasa (molibdeno-hierro), tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la glutamato deshidrogenasa, glutamina sintetasa, glutamato sintasa (NADPH). Presenta actividad de la acetil-CoA sintetasa y acetato quinasa.	Sedimento - Agua	KEGG Chlorobium limicola. ^{9 2} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T00766
Chlorobi	<i>Chlorobium luteolum</i>	Nitrógeno - Carbono	Reduce nitratos a nitrito por la nitrato reductasa, fija nitrógeno por la nitrogenasa (molibdeno-hierro), tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la glutamina sintetasa y la glutamato sintasa (NADPH). Presenta actividad de la acetil-CoA sintetasa, fosfato acetiltransferasa y acetato quinasa.	Sedimento - Agua	KEGG Chlorobium luteolum. ^{9 3} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T00291
Chlorobi	<i>Prosthecochloris aestuarii</i>	Nitrógeno - Carbono	Reduce nitratos a nitrito por la nitrato reductasa, fija nitrógeno por la proteína de hierro nitrogenasa NifH, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la glutamato deshidrogenasa, glutamina sintetasa y la glutamato sintasa (NADPH). Presenta actividad de la acetil-CoA sintetasa y de la acetato quinasa.	Agua	KEEG Prosthecochloris aestuarii. ^{9 4} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T00732

Cyanobacteria	<i>Tetraselmis marina</i>	Carbono	Metaboliza el 2,4-diclorofenol (herbicida) por medio de glucosidación y malonilación formando 2,4-diclorofenil-β-D-glucopiranosido (DCPG) y 2,4-diclorofenil-β-D-(6-O-malonil)-glucopiranosido (DCPGM)	Agua	Petroutsos D, Katapodis P, Samiotaki M, Panayotou G, Kekos D. ^{9 5} Disponible en: https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2007.09.002
Cyanobacteria	<i>Prochlorococcus marinus</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa. Participa en la fotosíntesis por la fijación de carbono mediante el ciclo de calvin. Tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH)	Agua	KEGG. Prochlorococcus marinus. ^{9 6} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=pmn
Firmicutes	<i>Bacillus carboniphilus</i>	Nitrógeno - Carbono	Hidroliza la caseína, gelatina, almidón, hipurato, urea y esculina. Reduce el nitrato a nitrito por la nitrato reductasa. Hidroliza la caseína, gelatina, almidón y el hipurato. Reduce nitrato a nitrito por la nitrato reductasa. Utiliza como fuente de carbono y energía el citrato, propionato, acetato, fumarato, Lmalato, D- y L-lactato, succinato, L-glutamato, L-aspartato, alginato, D-gluconato, 2-oxoglutarato, malonato, piruvato y tartrato. Produce ácido a partir de D-glucosa, L-arabinosa, D-fructosa, D-galactosa, maltosa, lactosa, sacarosa, D-xilosa, trehalosa, glicerol, D-manitol, celobiosa, D-ribosa, salicina, D-sorbosa, D-manosa, melibiosa, L-ramnosa, rafinosa, mesoinositol, eritritol, adonitol y almidón; y produce de gas a partir de Dglucosa, L-arabinosa, D-xilosa y D-manitol.	Sedimento	Fujita T, Shida O, Takagi H, Kunugita K, Pankrushina A, Matsuhashi M. ^{9 7} Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-46-1-116

Firmicutes	<i>Geobacillus thermodenitrificans</i>	Nitrógeno - Carbono	Asimila el formaldehído por la ruta de la ribulosa monofosfato. Presenta actividad de fosfato acetiltransferasa, acetato quinasa y acetil-CoA sintetasa. Presenta actividad de nitrato reductasa, nitrito reductasa, óxido nítrico reductasa y óxido nitroso reductasa. Tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la glutamato deshidrogenasa, glutamina sintetasa, glutamato sintasa (NADPH).	Sedimento	KEGG <i>Geobacillus thermodenitrificans</i> . ^{9 8} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?org=gtn
Firmicutes	<i>Halobacillus mangrovi</i>	Nitrógeno - Carbono	Asimila el formaldehído por la ruta de la ribulosa monofosfato. Presenta actividad de fosfato acetiltransferasa, acetato quinasa, acetil-CoA sintetasa, formiato deshidrogenasa y formaldehído deshidrogenasa. Presenta actividad de nitrato reductasa y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la glutamato deshidrogenasa, glutamina sintetasa, glutamato sintasa (NADPH).	Sedimento	KEGG <i>Halobacillus mangrovi</i> . ^{9 9} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=genome_info&org=hmn
Firmicutes	<i>Salimicrobium luteum</i>	Carbono	Presenta actividad β -galactosidasa, el piruvato se utiliza como única fuente de carbono y energía, produce ácido a partir de d-manosa y d-ribosa.	Agua	Yoon J, Kang S, Oh T. ^{10 0} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.65003-0
Firmicutes	<i>Brochothrix campestris</i>	Carbono	Facultativamente anaeróbica; homofermentativa con producción principalmente de ácido L -(+)-láctico. Se produce ácido pero no gas a partir de glicerol, ribosa, D-fructosa, D-manosa, N-acetilglucosamina, salicina, maltosa, trehalosa, ramnosa, amigdalina, rirbutina y D-celobiosa. Positivo para rojo de metilo y Voges-Proskauer. Hidroliza la esculina y el hipurato de sodio.	Sedimento	Talon R, Grimont P, Gasser F, Boeufgras J. ^{10 1} Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-38-1-99

Firmicutes	<i>Paenibacillus ehimensis</i> (hasta 2004 - <i>Bacillus ehimensis</i>)	Nitrógeno - Carbono	Reduce el nitrato a nitrito por la nitrato reductasa. Se produce ácido, pero no gas, a partir de D-glucosa, L-arabinosa, D-xilosa y D-manitol. Hidroliza el almidón. Descompone la quitina por las enzimas hidrolíticas quitinasa y quitobiasa. No utiliza citrato ni propionato.	Sedimento	Lee J, Pyun Y, Bae K. ^{10 2} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.02765-0 - Kuroshima K, Sakane T, Takata R, Yokota A. ^{10 3} Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-46-1-76
Firmicutes	<i>Paenibacillus sabiniae</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad nitrito reductasa (NADH), ferredoxina-nitrito reductasa, acetil-CoA sintetasa, acetato quinasa, es capaz de fijar nitrógeno por la presencia de la enzima nitrogenasa (molibdeno-hierro) y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la glutamato deshidrogenasa, Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH). Asimila el formaldehído por la ruta de la ribulosa monofosfato.	Sedimento	KEGG <i>Paenibacillus sabiniae</i> . ^{10 4} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T03064
Firmicutes	<i>Pullulanibacillus uraniitolerans</i>	Nitrógeno - Carbono	Reduce nitrato a nitrito por la nitrato reductasa. Presenta actividad esterasa lipasa, leucina arilamidasa, valina arilamidasa, cistina arilamidasa, tripsina, α -quimotripsina, α -glucosidasa, β -glucosidasa, N-acetil- β -glucosaminidasa. Hidroliza el hipurato, la arbutina y la esculina. Asimila la d-glucosa, d-fructosa, d-galactosa, sacarosa, lactosa, maltosa, d-xilosa, d-ribose, celobiosa, l-arabinosa, d-manosa, trehalosa, glicerol, l-glutamato, d-gluconato, citrato, prolina, d-asparagina y l-ornitina. Se ha reportado la resistencia a U(VI) de esta bacteria.	Sedimento	Pereira S, Albuquerque L, Nobre M, Tiago I, Veríssimo A, Pereira A, et al. ^{10 5} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.040923-0
Firmicutes	<i>Aerococcus urinaeequi</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad fosfato acetiltransferasa, acetato quinasa, anhidrasa carbónica, carbamato quinasa, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de glutamina sintetasa y glutamato deshidrogenasa.	Sedimento	KEGG <i>Aerococcus urinaeequi</i> . ^{10 6} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T04249

Firmicutes	<i>Aerococcus viridans</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad fosfato acetiltransferasa, acetato quinasa, anhidrasa carbónica, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de glutamina sintetasa y glutamato deshidrogenasa.	Sedimento	KEGG <i>Aerococcus viridans</i> . ^{10 7} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:avs
Firmicutes	<i>Carnobacterium funditum</i>	Carbono	Bacteria psicrófila, el ácido láctico es el principal producto final de la D (+) - glucosa con trazas de etanol, ácido acético y ácido fórmico. La D (-) - ribosa se fermenta a ácido láctico y cantidades moderadas de etanol, ácido acético y ácido fórmico. El glicerol se fermenta principalmente a ácido acético y ácido fórmico y se producen trazas de etanol. No se produce gas. Produce ácido a partir de glucosa, ribosa, maltosa, manosa, fructosa, salicina, sacarosa, celobiosa y trehalosa.	Sedimento	Franzmann P, Höpfl P, Weiss N, Tindall B. ^{10 8} Disponible en: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/1793333/
Firmicutes	<i>Carnobacterium inhibens</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad β -Glucosidasa, fosfato acetiltransferasa, acetato quinasa, carbamato quinasa, anhidrasa carbónica, glutamato deshidrogenasa y glutamina sintetasa.	Sedimento	KEGG <i>Carnobacterium inhibens</i> . ^{10 9} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=genome_info&org=caw
Firmicutes	<i>Carnobacterium jeotgali</i>	Carbono	Asimila eritritol, d -fructosa, inositol, d -manitol y esculina, hidroliza la esculina y presenta actividad β - glucuronidasa.	Sedimento	Kim M, Roh S, Nam Y, Yoon J, Bae J. ¹¹⁰ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.010116-0
Firmicutes	<i>Fusibacter paucivorans</i>	Carbono	Utiliza celobiosa, fructosa, glucosa, D-manitol y D-ribosa. Los productos finales de la fermentación de glucosa en presencia de extracto de levadura y biotripticasa son butirato, acetato, CO y H ₂ .	Sedimento	Ravot G, Magot M, Fardeau M, Patel B, Thomas P, García J, et al. ¹¹¹ Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-49-3-1141

Firmicutes	<i>Clostridium celatum</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad ureasa, reduce el nitrato a nitrito por la nitrato reductasa, los productos de fermentación de la glucosa son ácido acético, ácido fórmico, etanol, generalmente con una pequeña cantidad de ácido butírico y ocasionalmente con pequeñas cantidades de ácidos pirúvico, láctico, succínico, fumárico y propiónico. Los productos de fermentación del piruvato son acetato, generalmente con formiato y una pequeña cantidad de butirato.	Sedimento	Hauschild A, Holdeman L. ¹¹² Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-24-4-478
Firmicutes	<i>Clostridium perfringens</i>	Nitrógeno - Carbono	Realiza reducción asimilatoria de nitrato por nitrato reductasa y la ferredoxina-nitrito reductasa, presenta actividad carbamato quinasa, anhidrasa carbónica, hidroxilamina reductasa, fosfato acetiltransferasa, acetato quinasa, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la glutamato deshidrogenasa, glutamato sintasa (NADPH) y glutamina sintetasa.	Sedimento	KEGG Clostridium perfringens. ¹¹³ Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?org=cpe
Proteobacteria	<i>Brevundimonas poindexterae</i>	Nitrógeno - Carbono	Puede usar piruvato, maltotriosa, maltosa, 1- O -metil α -galactopiranosido, celobiosa, esculina, xilosa, glucosa, ramnosa, malato, galacturonato, succinato, fumarato, 3- hidroxibutirato, asparagina, l -glutamato y l-prolina. Presenta actividad leucina arilamidasa, valina arilamidasa, tripsina y β - glucosidasa.	Sedimento	Abraham W, Estrela A, Nikitin D, Smit J, Vancanneyt M. ¹¹⁴ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.016832-0
Proteobacteria	<i>Brevundimonas mediterranea</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad para b- y α -glucosidasa, leucina arilamidasa, valina arilamidasa, tripsina y ureasa. Hidroliza la esculina, utiliza como sustrato amigdalina, arbutina, celobiosa, D-fructosa, gentiobiosa, a-D-glucosa, ácido b-hidroxibutírico, maltosa, salicina y almidón.	Sedimento	Fritz I, Strömpl C, Nikitin D, Lysenko A, Abraham W. ¹¹⁵ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.02852-0

Proteobacteria	<i>Hyphomonas adhaerens</i>	Nitrógeno	Reduce nitrato a nitrito por la nitrato reductasa.	Sedimento	Weiner R, Melick M, O'Neill K, Quintero E. ¹¹⁶ Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-50-2-459
Proteobacteria	<i>Hyphomonas johnsonii</i>	Nitrógeno	Reduce nitrato a nitrito por la nitrato reductasa.	Sedimento	Weiner R, Melick M, O'Neill K, Quintero E. ¹¹⁶ Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-50-2-459
Proteobacteria	<i>Kordiimonas aestuarii</i>	Nitrógeno - Carbono	Hidroliza el almidón, produce ácido a partir de D-glucosa, produce indol, acidifica la glucosa, presenta actividad arginina dihidrolasa, ureasa, b-galactosidasa, leucina arilamidasa y valina arilamidasa.	Sedimento	Math R, Jeong S, Jin H, Park M, Kim J, Jeon C. ¹¹⁷ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijis.0.038943-0
Proteobacteria	<i>Aurantimonas coralicida</i>	Nitrógeno - Carbono	Produce ácidos a partir de Glucosa, ramnosa, melibiosa. Utiliza como únicas fuentes de carbono y energía la glucosa, arabinosa, manosa, gluconato y malato. Presenta actividad para arginina dihidrolasa, ureasa y leucina arilamidasa.	Sedimento	Denner E, Smith G, Busse H, Schumann P, Narzt T, Polson S, et al. ¹¹⁸ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijis.0.02359-0
Proteobacteria	<i>Aurantimonas manganoxydans</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad ureasa, leucina arilamidasa, valina arilamidasa y actividad arginina dihidrolasa. El metabolismo es estrictamente aeróbico y quimioheterotrófico. Utiliza el ácido acético, ácido bromosuccínico, ácido D-galactónico, lactona, α-D-glucosa, ácido D-sacárico, l-eritritol, L-alanina, L-asparagina, ácido L-aspártico, Ácido L-Piroglutámico, m-Inositol, Ácido Quínico, Ácido α-Cetoglutámico, Ácido β-Hidroxibutírico, Ácido D-Gluconico, D, Ácido L-Láctico, D-Arabitol, D-Fructosa, D-Galactosa, D-Ácido galacturónico, D-manitol, D-manosa, ácido fórmico, glucuronamida, glicerol, L-alaninamida, L-arabinosa, L-fucosa, ácido L-glutámico, L-prolina, L-ramnosa, éster metílico del ácido pirúvico, ácido succínico, Éster mono-metílico de ácido succínico y uridina, como fuentes de carbono y energía.	Sedimento	Anderson C, Dick G, Chu M, Cho J, Davis R, Bräuer S, et al. ¹¹⁹ Disponible en: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2746641/

Proteobacteria	<i>Methylovirgula ligni</i>	Nitrógeno - Carbono	Metilótrofo obligatoriamente acidófilo, produce poli- β- hidroxibutirato, es capaz de fijar nitrógeno atmosférico por la proteína de hierro nitrogenasa, las fuentes de carbono incluyen metanol, etanol, piruvato y malato. Presenta actividad metanol deshidrogenasa, formaldehído deshidrogenasa, formiato deshidrogenasa, hidroxipiruvato reductasa, ribulosa-1,5-bisfosfato carboxilasa, Isocitrato deshidrogenasa, nitrito reductasa, anhidrasa carbónica. Asimila el formaldehído por la ruta de la serina.	Sedimento	KEGG <i>Methylovirgula ligni</i> . ¹²⁰ Disponible en: kegg.jp/kegg-bin/show_organism?org=mlg - Vorob'ev A, Boer W, Folman L, Bodelier P, Doronina N, Suzina N, et al. ¹²¹ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.010074-0
Proteobacteria	<i>Rhodoblastus acidophilus</i> (hasta 2001 - <i>Rhodopseudomonas acidophila</i>)	Nitrógeno - Carbono	Los pigmentos fotosintéticos son la bacterioclorofila a (esterificada con fitol) y los carotenoides de la serie de la espiriloxantina con glucósidos de rodopina y rodopinal. Estos últimos son característicos de esta especie. El crecimiento fotoheterotrófico con varias fuentes de carbono orgánico es el modo de crecimiento preferido. El crecimiento fotoautotrófico es posible con hidrógeno como donante de electrones; no se pueden utilizar sulfuro y tiosulfato. Las células crecen quimioautotróficamente en condiciones microóxicas a óxicas en la oscuridad con hidrógeno como donante de electrones. Las fuentes de carbono orgánico utilizadas son acetato, propionato, butirato, lactato, piruvato, fumarato, malato, succinato, valerato, formiato, metanol y etanol. Las fuentes de nitrógeno son amoníaco, dinitrógeno y algunos aminoácidos.	Sedimento	Imhoff J. ¹²² Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-51-5-1863

Proteobacteria	<i>Aquamicrobium defluvii</i>	Nitrógeno - Carbono	El tipo de metabolismo respiratorio con oxígeno o nitrato como aceptores de electrones. El nitrato se reduce a nitrito. Quimioorganotrófico, utiliza tiofeno-2-carboxilato, acetato, propionato, butirato, crotonato, glucosa, fructosa, manosa, xilosa, manitol y sorbitol como fuentes de carbono. Podría degradar hidrocarburos del petróleo, se identificó un gen de alcano 1-monooxigenasa, que es responsable de la oxidación inicial de los alcanos. Se detectaron genes de fijación de nitrógeno, responsables de la asimilación de N ₂ .	Sedimento	Bambauer A, Rainey F, Stackebrandt E, Winter J. ¹²³ Disponible en: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9531630/ - Wang X, Jin D, Zhou L, Zhang Z. ¹²⁴ Disponible en: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4551884/
Proteobacteria	<i>Hoeflea Halophila</i>	Nitrógeno - Carbono	Como fuentes de carbono utiliza arabinosa, citrato, fumarato, maltosa, manitol, manosa, sacarosa y extracto de levadura. Presenta actividad para leucina arilamidasa, valina arilamidasa, cristina arilamidasa, α-galactosidasa, β-galactosidasa, α-glucosidasa y β-glucosidasa.	Sedimento	Jung M, Shin K, Kim S, Kim S, Park S, Kim J, et al. ¹²⁵ Disponible en: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23314912/
Proteobacteria	<i>Mesorhizobium jarvisii</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad ureasa y la β-galactosidasa. Hidroliza la esculina. Asimila la glucosa, l-arabinosa, manosa, manitol, N-acetilglucosamina, maltosa, gluconato y malato. Produce ácido a partir de glicerol, d-arabinosa, l-arabinosa, d-ribosa, d-xilosa, l-xilosa, d-adonitol, d-galactosa, d-glucosa, d-fructosa, d-manosa, d-manitol, d-lyxosa, d-fucosa y l-fucosa.	Sedimento	Martínez P, Ramírez M, Flores J, Rivas R, Igual J, Mateos P, et al. ¹²⁶ Disponible en: https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijs.0.000164#tab2
Proteobacteria	<i>Mesorhizobium loti</i>	Nitrógeno - Carbono	Fija el carbono mediante el ciclo reductor de pentosa fosfato. Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa y fija el nitrógeno por la enzima nitrogenasa (molibdeno-hierro)	Sedimento	KEGG Mesorhizobium loti. ¹²⁷ Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/www_bget?gn:T04711

Proteobacteria	<i>Mesorhizobium ciceri</i>	Nitrógeno - Carbono	Fija el carbono a través del ciclo de Calvin-Benson. Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa y fija el nitrógeno por la enzima nitrogenasa (molibdeno-hierro)	Sedimento	KEGG. Mesorhizobium ciceri. ¹²⁸ Disponible: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?org=mci
Verrucomicrobia	<i>Pelagicoccus albus</i>	Carbono	Actividad enzimática de la α -Glucosidasa (glucógeno a glucosa y así no queda acumulado)	Sedimento	Yoon J, Hedlund, B. P. ¹²⁹ Disponible en: https://doi.org/10.1002/9781118960608.gbm01278
Tenericutes	<i>Haloplasma contractile</i>	Nitrógeno	Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Göker M, Antunes A. ¹³⁰ Disponible en: https://doi.org/10.1002/9781118960608.gbm01422
Spirochaetae	<i>Spirochaeta isovalerica</i>	Carbono	Fermenta la glucosa (fermentación alcohólica)	Agua	Harwood C. S, Canale-Parola E. ¹³¹ Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-33-3-573
Proteobacteria	<i>Dyella ginsengisoli</i>	Carbono	Actividad enzimática de la α - y β -Glucosidasa (glucogéno), y β -Galactosidasa (hidrólisis de galactósidos a monosacáridos, el más común es la lactosa)	Sedimento	Jung H-M, Ten L. N, Kim K-H, An D. S, Im W-T, Lee S-T. ¹³² Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.004838-0
Proteobacteria	<i>Dyella soli</i>	Nitrógeno	Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Weon H-Y, Anandham R, Kim B-Y, Hong S-B, Jeon Y-A, Kwon S-W. ¹³³ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.004838-0
Proteobacteria	<i>Dyella thiooxydans</i>	Nitrógeno - Carbono	Fermenta la glucosa, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH) y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Anandham R, Kwon S-W, Gandhi P, Kim S-J, Weon H-Y, Kim Y-S, et al. ¹³⁴ Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/42372018_Dyella_thiooxydans_sp_nov_a_facultatively_chemolithotrophic_thiosulfate-oxidizing_bacterium_isolated_from_rhizosphere_soil_of_sunflower_Helianthus_annuus_L - KEGG Dyella thiooxydans. ¹³⁵ Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=dtx

Proteobacteria	<i>Vibrio tritonius</i>	Nitrógeno - Carbono	Fermenta la glucosa, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH) y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento - Agua	Sawabe T, Ogura Y, Matsumura Y, Feng G, Amin R, Mino S, et al. ¹³⁶ Disponible en: https://dx.doi.org/10.3389%2Ffmicb.2013.00414
Proteobacteria	<i>Vibrio sinaloensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Fermentación de la glucosa (fermen. alcohólica) y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Agua	Gomez-Gil B, Fajer-Avila E, Pascual J, Macian M. C, Pujalte M. J, Garay E, Roque A. ¹³⁷ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.65719-0
Proteobacteria	<i>Vibrio diazotrophicus</i>	Nitrógeno	Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa y fija nitrógeno por la enzima nitrogenasa (romper el nitrógeno molecular y formar amonio)	Sedimento	GUERINOT M. L, WEST P. A, LEE J. V, COLWELL R. ¹³⁸ Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-32-3-350
Proteobacteria	<i>Vibrio areninigræ</i>	Nitrógeno	Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Chang H.W, Roh SW, Kim K.H, Nam Y.D, Jeon CO, Oh H-M, Bae J.W. ¹³⁹ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.65726-0
Proteobacteria	<i>Methylophaga lonarensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Metilotrófo que utiliza solo metanol y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Agua	Antony C. P, Doronina N. V, Boden R, Trotsenko Y. A, Shouche Y. S, Murrell J. C. ¹⁴⁰ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.035089-0
Proteobacteria	<i>Hydrogenovibrio marinus</i>	Nitrógeno - Carbono	El dióxido de carbono es fijado a través del ciclo de Calvin-Benson, presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Nishihara H, Igarashi Y, Kodama T. ¹⁴¹ Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-41-1-130 - KEGG Hydrogenovibrio marinus. ¹⁴² Disponible en: https://www.kegg.jp/kegg-bin/show_organism?org=hmar
Proteobacteria	<i>Pseudomonas putida</i>	Nitrógeno - Carbono	Saprófito (alimentarse de materia orgánica muerta). Transforma el 2,4,6-trinitrotolueno (TNT) en más de una docena de metabolitos mediante la reducción del anillo aromático, presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa, Glutamato deshidrogenasa y la Glutamato sintasa (NADPH) y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Nelson K. E, Weinel C, Paulsen I. T, Dodson R. J, Hilbert H, Martins dos Santos P, et al. ¹⁴³ Disponible en: https://doi.org/10.1046/j.1462-2920.2002.00366.x - KEGG Pseudomonas putida. ¹⁴⁴ Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=ppu

Proteobacteria	<i>Pseudomonas fragi</i>	Nitrógeno - Carbono	Oxidación de las pentosas y reducción de nitratos hasta nitrógeno molecular (gas N ₂) y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa, Glutamato deshidrogenasa y la Glutamato sintasa (NADPH)	Sedimento	WEIMBERG R. ^{14 5} Disponible en: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/13783864/ KEGG <i>Pseudomonas fragi</i> . ^{14 6} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=pfz
Proteobacteria	<i>Pseudomonas deceptionensis</i>	Carbono	Oxidación de D-galactosa, ácido D-glucurónico, D-fucosa, glucuronamida, ácido acetoacético, L-fucosa y ácido quínico	Sedimento	Carrion O, Minana-Galbis D, Montes M. J, Mercade E. ^{14 7} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.024919-0
Proteobacteria	<i>Pseudomonas azotoformans</i>	Nitrógeno	Fija el nitrógeno N ₂ , reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH)	Sedimento	Ma Y, Rajkumar M, Moreno A, Zhang C, Freitas H. ^{14 8} Disponible en: https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2017.06.135 KEGG <i>Pseudomonas azotoformans</i> . ^{14 9} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?org=pazo
Proteobacteria	<i>Psychrobacter okhotskensis</i>	Nitrógeno	Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Yumoto I, Hirota K, Sogabe Y, Nodasaka Y, Yokota Y, Hoshino T. ^{15 0} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.02686-0
Proteobacteria	<i>Psychrobacter piscatorii</i>	Carbono	Produce ácido a partir de L-arabinosa, ribosa, D-xilosa, D-glucosa, D-manosa, D-galactosa, L-ramnosa y D-fucosa	Sedimento	Yumoto I, Hirota K, Kimoto H, Nodasaka Y, Matsuyama H, Yoshimune K. ^{15 1} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.010959-0
Proteobacteria	<i>Psychrobacter arenosus</i>	Carbono	Produce ácido a partir de d -glucosa, ramnosa, galactosa, lactosa y arabinosa	Sedimento	Romanenko L, Lysenko A.M, Rohde M, Mikhailov V.V, Stackebrandt E. ^{15 2} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.63096-0
Proteobacteria	<i>Psychrobacter maritimus</i>	Nitrógeno	Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Romanenko L, Lysenko A.M, Rohde M, Mikhailov V.V, Stackebrandt E. ^{15 2} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.63096-0
Proteobacteria	<i>Psychrobacter cibarius</i>	Nitrógeno	Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Jung S-Y, Lee M-H, Oh T-K, Park Y-H, Yoon J-H. ^{15 3} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.63398-0
Proteobacteria	<i>Psychrobacter sanguinis</i>	Nitrógeno	Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Wirth S. E, Ayala-del-Rio H. L, Cole J. A., Kohlerschmidt, D. J., Musser, K. A. ^{15 4} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.029058-0

Proteobacteria	<i>Psychrobacter vallis</i>	Carbono	Produce ácido a partir de D-glucosa	Sedimento	Shivaji S, Reddy G, Suresh K, Gupta P, Chintalapati S, Schumann P, Stackebrandt E, Matsumoto G.I. ^{15 5} Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/7959601_Psychrobacter_vallis_sp_nov_and_Psychrobacter_aquaticus_sp_nov_from_Antarctica
Proteobacteria	<i>Psychrobacter aquaticus</i>	Nitrógeno	Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Shivaji S, Reddy G, Suresh K, Gupta P, Chintalapati S, Schumann P, Stackebrandt E, Matsumoto G.I. ^{15 6} Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/7959601_Psychrobacter_vallis_sp_nov_and_Psychrobacter_aquaticus_sp_nov_from_Antarctica
Proteobacteria	<i>Psychrobacter alimentarius</i>	Nitrógeno - Carbono	El ácido se produce a partir de D-celobiosa, D-manosa, melibiosa y D-ribosa, presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa, Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH)	Sedimento	Yoon J-H, Yeo S-H, Oh T-K, Park Y-H. ^{15 7} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.63140-0 KEGG <i>Psychrobacter alimentarius</i> . ^{15 8} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=pali
Proteobacteria	<i>Acinetobacter harbinensis</i>	Nitrógeno	Participa en la nitrificación	Sedimento	Li W, Zhang D, Huang X, Qin W. ^{15 9} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.055251-0
Proteobacteria	<i>Acinetobacter guillouiae</i>	Nitrógeno	Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH)	Sedimento	KEGG <i>Acinetobacter guillouiae</i> . ^{16 0} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=agu
Proteobacteria	<i>Thalassolituus marinus</i>	Nitrógeno - Carbono	Metaboliza el hidrocarburo n-tetradecano, hidroliza el almidón, presenta actividad de la ureasa y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Choi A, Cho J-C. ^{16 1} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.046383-0

Proteobacteria	<i>Reinekea marinesedimentorum</i>	Nitrógeno - Carbono	Se produce ácido a partir de glucosa, sacarosa, lactosa, maltosa, galactosa, glicerol y manitol en condiciones aeróbicas y en condiciones anaeróbicas se produce ácido a partir de glucosa y maltosa. Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Agua	Romanenko L. A, Schumann P, Rohde M, Mikhailov V.V, Stackebrandt E. ^{16 2} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.02846-0
Proteobacteria	<i>Neptunomonas concharum</i>	Nitrógeno - Carbono	Produce ácido a partir de a partir de D-ribosa, D-fructosa, L-sorbosa, D-tagatosa, D-arabinosa, L-arabinosa, D-xilosa, L-xilosa. Fermenta la glucosa, presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa, reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH) y reducción disimilatoria del nitrato por las enzimas nitrato y nitrito reductasa	Agua	Lee H-W, Shin, N-R, Lee J, Roh S. W, Whon T. W, Bae J-W. ^{16 3} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.037473-0 KEGG Neptunomonas concharum. ^{16 4} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=ncu
Proteobacteria	<i>Motiliproteus sediminis</i>	Nitrógeno - Carbono	Produce ácido a partir de D-ribosa, L-xilosa, L-sorbosa, esculina, D-linxosa, D-tagatosa, Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Wang Z-J, Xie Z-H, Wang C, Du Z-J, Chen G-J. ^{16 5} Disponible en: https://doi.org/10.1007/s10482-014-0232-2
Proteobacteria	<i>Marinomonas fungiae</i>	Carbono	Produce ácido a partir de d -glucosa, l -arabinosa, d -fructosa, d -ácido glucurónico y d-manosa	Sedimento - Agua	Kumari P, Poddar A, Das S. K. ^{16 6} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.054809-0
Proteobacteria	<i>Marinomonas communis</i>	Carbono	Presenta actividad de la ureasa, utiliza la α -D-Glucosa	Agua	Chimetto L. A, Cleenwerck I, Brocchi M, Willems A, De Vos P, Thompson F. L. ^{16 7} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.024661-0
Proteobacteria	<i>Amphritea atlantica</i>	Carbono	Utiliza la α - D-glucosa, sacarosa, d -alanina, L -alanina, L glicina -alanil, l -asparagina, l ácido aspártico, L ácido glutámico, L histidina, L -fenilalanina, L prolina	Agua	Gartner A, Wiese J, Imhoff J. F. ^{16 8} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.65234-0
Proteobacteria	<i>Halomonas venusta</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa, utiliza la glucosa, maltosa, gluconato, caprato, malato, citrato y presenta actividad de la ureasa, reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa, tiene la capacidad de participar	Sedimento	Graevenitz A.V, Bowman J, Notaro C, Ritzler M. ^{16 9} Disponible en: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC87208/ KEGG Halomonas venusta. ^{17 0}

			en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH) y reducción disimilatoria del nitrato por las enzimas nitrato y nitrito reductasa		Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=hvn
Proteobacteria	<i>Halomonas alkaliphila</i>	Nitrógeno - Carbono	Utiliza la glucosa, galactosa, fructosa, manosa, arabinosa, sorbosa, ribosa, xilosa, sacarosa, maltosa, celobiosa, lactosa, trehalosa, glicerol y posee la enzima α -Glucosidasa (glucógeno) y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa, tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH) y reducción disimilatoria del nitrato por las enzimas nitrato y nitrito reductasa	Sedimento	Romano I, Lama L, Nicolaus B, Poli A, Gambacorta A, Giordano A. ^{17 1} Disponible en: https://www.jstage.jst.go.jp/article/jgam/52/6/52_6_339/article-char/ja/KEGG_Halomonas_alkaliphila.17_2 Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=halk
Proteobacteria	<i>Cobetia marina</i>	Nitrógeno - Carbono	Produce ácido a partir de fructosa, glucosa, glicerol, manosa, sacarosa y trehalosa. Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa, reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa y presenta actividad de la ureasa	Sedimento	Arahal D. R, Castillo A. M, Ludwig W, Schleifer K. H, Ventosa A. ^{17 3} Disponible en: https://doi.org/10.1078/0723-2020-00113 - KEGG Cobetia marina. ^{17 4} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=cmai
Proteobacteria	<i>Chromohalobacter israelensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Produce ácido a partir de maltosa y sacarosa. Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Arahal D. R, García M. T, Ventosa A, Ludwig W, Schleifer K. H. ^{17 5} Disponible en: https://doi.org/10.1099/00207713-51-4-1443
Proteobacteria	<i>Endozoicomonas elysicola</i>	Nitrógeno - Carbono	Produce ácido a partir de glucosa, galactosa, maltosa y gluconato. Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Agua	Kurahashi M, Yokota A. ^{17 6} Disponible en: https://doi.org/10.1016/j.syapm.2006.07.003
Proteobacteria	<i>Halothiobacillus neapolitanus</i>	Nitrógeno - Carbono	Fija el carbono mediante el ciclo reductor de pentosa fosfato ya que contiene Carboxisomas (cubierta proteica de ribulosa 1,5-bifosfato), reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa	Sedimento	Schmid M. F, Paredes A. M, Khant H. A, Soyer F, Aldrich H. C, Chiu W, Shively J. M. ^{17 7} Disponible en: https://doi.org/10.1016/j.jmb.2006.09.024 - KEGG Halothiobacillus neapolitanus. ^{17 8} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-

			(NADPH)		bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=hna
Proteobacteria	<i>Serratia liquefaciens</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa, reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa y tiene la capacidad de participar en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH) y reducción disimilatoria del nitrato por las enzimas nitrato y nitrito reductasa	Sedimento	KEGG <i>Serratia liquefaciens</i> . ^{17 9} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=slq
Proteobacteria	<i>Microbulbifer taiwanensis</i>	Carbono	Produce ácidos a partir de sacarosa, maltosa y D-manitol.	Sedimento	Kampfer P, Arun A. B, Young C-C, Rekha P. D, Martin K, Busse, H-J, Chen W-M. ^{18 0} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.034512-0
Proteobacteria	<i>Microbulbifer pacificus</i>	Nitrógeno - Carbono	Hidroliza el almidón, utiliza D-fructosa, D-glucosa y maltosa; Produce ácido a partir de D-galactosa, D-glucosa y maltosa. Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Jeong S. H, Yang S-H, Jin H. M, Kim J. M, Kwon K. K, Jeon C. O. ^{18 1} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.042606-0
Proteobacteria	<i>Pseudoalteromonas translucida</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa, tiene capacidad de participar en la desnitrificación mediante la enzima nitrito reductasa y en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH)	Sedimento	KEGG <i>Pseudoalteromonas translucida</i> . ^{18 2} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=ptn
Proteobacteria	<i>Pseudoalteromonas nigrifaciens</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa, tiene capacidad de participar en la desnitrificación mediante la enzima nitrito reductasa y en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH)	Agua	KEGG <i>Pseudoalteromonas nigrifaciens</i> . ^{18 3} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=png
Proteobacteria	<i>Pseudoalteromonas arabiensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Hidroliza el almidón, utiliza dextrina, N- acetil- d -galactosamina, N -acetil- d -glucosamina, l -arabinosa, d -glucosa, maltosa, d- manosa, d -sorbitol, sacarosa, ácido cítrico, l- alanina, l- alanil glicina, l -ácido glutámico, glicil l -ácido aspártico, glicil l-ácido glutámico, l -serina y l- treonina y Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento - Agua	Matsuyama H, Minami H, Kasahara H, Kato Y, Murayama M, Yumoto I. ^{18 4} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.043604-0

Proteobacteria	<i>Idiomarina baltica</i>	Carbono	Produce ácido a partir de D-Glucosa	Sedimento	Brettar I, Christen R, Hofle M. ^{18 5} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.02399-0
Proteobacteria	<i>Salinimonas lutimaris</i>	Carbono	Utiliza la D-celobiosa, D-fructosa, D-galactosa, D-glucosa, maltosa, sacarosa, salicina, D-trehalosa, acetato y piruvato.	Sedimento	Yoon J.H, Kang S.J, Lee S.Y. ^{18 6} Disponible en: https://link.springer.com/article/10.1007/s10482-011-9695-6
Proteobacteria	<i>Marinobacter vinifirmus</i>	Carbono	Utiliza acetato y lactato. Produce ácido a partir de la Fructosa.	Sedimento	Lieb Gott P.P, Casalot L, Paillard S, Lorquin J, Labat M. ^{18 7} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.64368-0
Proteobacteria	<i>Marinobacter salsuginis</i>	Nitrógeno - Carbono	Produce ácido a partir de glicerol, d -glucosa, d -fructosa, utiliza la glucosa, lactato, malato, fumarato, glicerol, l- alanina, l -glutamato, l - glutamina, l- fenilalanina y prolina. Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa y hace parte de la desnitrificación por medio de la enzima nitrito reductasa	Sedimento	Antunes A, Franca L, Rainey F.A, Huber R, Nobre M.F, Edwards K.J, da Costa M.S. ^{18 8} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.64862-0
Proteobacteria	<i>Marinobacter santoriniensis</i>	Nitrógeno	Presenta actividad de la enzima ureasa y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Handley K.M, Hery M, Lloyd J.R. ^{18 9} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.003145-0
Proteobacteria	<i>Marinobacter koreensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Utiliza el ácido acético, ácido β- hidroxibutírico, ácido α- cetoglutárico, ácido DL- láctico, ácido succínico, ácido bromosuccínico, ácido l- glutámico y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Kim B.Y, Weon H.Y, Yoo S.H, Kim J.S, Kwon S.W, Stackebrandt E, et al. ^{19 0} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.64231-0
Proteobacteria	<i>Marinobacter szutsaonensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Produce ácido a partir de d -glucosa, d-manosa, maltosa, d -manitol, sacarosa, d -galactosa, utiliza la l- alanina, fumarato, d -glucosa, malato, succinato, d- manosa, maltosa y sacarosa. Presenta actividad de la enzima ureasa y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Wang C.Y, Ng C.C, Tzeng W.S, Shyu Y.T. ^{19 1} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.008896-0

Proteobacteria	<i>Marinobacter gudaonensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Hidroliza el almidón, Utiliza d- maltosa, l- prolina, dextrina, d -glucosa, citrato, d -xilosa, l- alanina, propionato, etanol, d -fructosa, piruvato, d- trehalosa, sacarosa, d -sorbitol, acetato, succinato y d -galactosa. Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Gu J, Cai H, Yu S.L, Qu R, Yin B, Guo Y.F, et al. ^{19 2} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.64522-0
Proteobacteria	<i>Aestuariibacter halophilus</i>	Nitrógeno - Carbono	Hidroliza el almidón, tiene actividad enzimática de β - glucosidasa, utiliza d -glucosa, d -ribosa, l - arginina, N -acetilglucosamina y sacarosa. Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Agua	Yi H, Bae K.S, Chun J. ^{19 3} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.02798-0
Proteobacteria	<i>Arcobacter nitrofigilis</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa, fija el nitrógeno por la enzima Nitrogenasa (molibdeno-hierro) y realiza la reducción disimilatoria del nitrato por las enzimas nitrato y nitrito reductasa	Sedimento - Agua	KEGG <i>Arcobacter nitrofigilis</i> . ^{19 4} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/get_linkdb?-t+pathway+gn:T01235
Proteobacteria	<i>Arcobacter marinus</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa y realiza la reducción disimilatoria del nitrato por las enzimas nitrato y nitrito reductasa	Agua	KEGG <i>Arcobacter marinus</i> . ^{19 5} Disponible en: https://www.kegg.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=amar
Proteobacteria	<i>Arcobacter halophilus</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa y realiza la reducción disimilatoria del nitrato por las enzimas nitrato y nitrito reductasa	Agua	KEGG <i>Arcobacter halophilus</i> . ^{19 6} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?org=ahs
Proteobacteria	<i>Arcobacter mytili</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa y realiza la reducción disimilatoria del nitrato por las enzimas nitrato y nitrito reductasa	Agua	KEGG <i>Arcobacter mytili</i> . ^{19 7} Disponible en: https://www.kegg.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=amyt
Proteobacteria	<i>Arcobacter molluscorum</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa y fija el nitrógeno por la enzima Nitrogenasa (molibdeno-hierro)	Agua	KEGG <i>Arcobacter molluscorum</i> . ^{19 8} Disponible en: https://www.genome.jp/kegg-bin/show_organism?menu_type=pathway_maps&org=amol

Proteobacteria	<i>Pelobacter seleniigenes</i>	Carbono	Fermenta piruvato, citrato y lactato	Sedimento - Agua	Narasingarao P, Haggblom M.M. ^{19 9} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.64980-0
Proteobacteria	<i>Paraburkholderia fungorum</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa y realiza la reducción disimilatoria del nitrato por las enzimas nitrato y nitrito reductasa	Sedimento	KEGG Paraburkholderia fungorum. ^{20 0} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/get_linkdb?-t+pathway+gn:T03799
Proteobacteria	<i>Erythrobacter marinus</i>	Carbono	Produce ácido a partir de a partir de celobiosa, l-ramnosa y d-xilosa	Sedimento	Jung Y.T, Park S, Oh T.K, Yoon J.H. ^{20 1} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.034702-0
Proteobacteria	<i>Roseovarius pacificus</i>	Nitrógeno - Carbono	Oxida los siguientes sustratos: metil piruvato, monometil succinato, ácido acético, ácido fórmico, ácido α- hidroxibutírico, ácido β- hidroxibutírico, ácido γ- hidroxibutírico, ácido itacónico, ácido α- cetobutírico, ácido α- cetoglutárico, ácido α- cetovalerico ácido dl-láctico, ácido propiónico, ácido succínico, ácido succinámico, l- alanina, l -alanil-glicina, l - asparagina, l -ácido aspártico, l -ácido glutámico, glicil-l de ácido glutámico, L histidina, L ornitina, L prolina, etanol y glicerol	Sedimento	Wang B, Tan T, Shao Z. ^{20 2} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.002477-0
Proteobacteria	<i>Roseovarius halotolerans</i>	Nitrógeno - Carbono	Utiliza D-glucosa, L -arabinosa, L- ramnosa, sacarosa, D- manosa, maltosa, D-sorbitol, propionato, 2-cetogluconato y DL -lactato, produce ácido a partir de la glucosa y presenta actividad enzimática de la ureasa	Sedimento	Oh Y-S, Lim H.J, Cha I.T, Im W.T, Yoo J.S, Kang U.G, et al. ^{20 3} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.002576-0
Proteobacteria	<i>Roseicyclus mahoneyensis</i>	Carbono	Posee pigmentos fotosintéticos de bacterioclorofila a, utiliza la Glucosa, extracto de levadura, acetato, piruvato, glutamato, citrato, malato, lactato y fructosa	Agua	Rathgeber C, Yurkova N, Stackebrandt E, Schumann P, Beatty J.T, Yurkov V. ^{20 4} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.63195-0
Proteobacteria	<i>Rhodovulum sulfidophilum</i>	Nitrógeno - Carbono	Presenta actividad de la enzima Acetil-CoA sintetasa, fija el nitrógeno por la enzima Nitrogenasa (molibdeno-hierro) y participa en el metabolismo del glutamato por la presencia de la Glutamina sintetasa y la Glutamato sintasa (NADPH)	Sedimento	KEGG Rhodovulum sulfidophilum. ^{20 5} Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/get_linkdb?-t+pathway+gn:T04143

Proteobacteria	<i>Rhodovulum marinum</i>	Carbono	Posee pigmentos fotosintéticos de bacterioclorofila a y utiliza sorbitol, manitol, piruvato, acetato, lactato, glucosa, glicerol y fructosa	Sedimento - Agua	Srinivas T. N.R, Kumar P.A, Sasikala Ch, Ramana V, Suling J, Imhoff J.F. ^{20 6} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.64005-0
Proteobacteria	<i>Pseudoruegeria aquimaris</i>	Carbono	Utiliza la D-fructosa, produce ácido a partir de D-celobiosa, D- galactosa, D- manosa, melibiosa, L- ramnosa y D- trehalosa y tiene actividad enzimática de la β -Galactosidasa (hidrólisis de galactósidos a monosacáridos, el más común es la lactosa)	Agua	Yoon J.H, Lee S.Y, Kang S.J, Lee C.H, Oh T.K. ^{20 7} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.64594-0
Proteobacteria	<i>Youngimonas vesicularis</i>	Nitrógeno - Carbono	Oxida los siguientes sustratos: l -arabinosa, d- arabitol, d -fructosa, l -fucosa, α - d -glucosa, lactosa, d -manitol, melibiosa, l -ramnosa, sacarosa, ácido acético, ácido fórmico, ácido d - glucurónico, ácido β -hidroxibutírico, ácido p - hidroxifenilacético, ácido α -cetovalérico, ácido malónico, ácido d -sacárico, l- alaninamida, l- alanina, l -asparagina, l- fenilalanina, l -serina, l- treonina y timidina	Sedimento - Agua	Hameed A, Shahina M, Lin S.Y, Nakayan P, Liu Y.C, Lai W.A, et al. ^{20 8} Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.060962-0
Proteobacteria	<i>Poseidonocella pacifica</i>	Carbono	Utiliza sacarosa, rafinosa, L-xilosa, L-ramnosa, glicerol, inositol, D-manitol, ornitina, L-arginina, L-tirosina, L-serina y treonina	Sedimento	Romanenko L.A, Tanaka N, Svetashev V.I, Kalinovskaya N.I. ^{20 9} Disponible en: https://link.springer.com/article/10.1007/s00203-011-0736-3
Proteobacteria	<i>Paracoccus sediminis</i>	Nitrógeno - Carbono	Utiliza arabinosa, manosa, manitol, gluconato, citrato; presenta actividad enzimática de β -Galactosidasa (hidrólisis de galactósidos a monosacáridos, el más común es la lactosa) y α -Glucosidasa (glucógeno a glucosa y así no queda acumulado) y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Sheu S.Y, Hsieh T.Y, Young C.C, Chen W.M. ²¹⁰ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijsem.0.002793
Proteobacteria	<i>Haematobacter massiliensis</i>	Nitrógeno	Presenta actividad de la enzima Ureasa	Sedimento	Helsel L.O, Hollis D, Steigerwalt A.G, Morey R.E, Jordan J, Aye T, et al. ²¹¹ Disponible en: https://doi.org/10.1128/jcm.01188-06

Proteobacteria	<i>Frigidibacter albus</i>	Nitrógeno - Carbono	Produce ácido a partir de l -arabinosa, d -arabitol, celobiosa, esculina, d -fucosa, lactosa, maltosa, turanosa y d -xilosa. Presenta actividad de las enzimas: leucina arilamidasa, valina arilamidasa, α -glucosidasa y ureasa	Sedimento	Li A.H, Zhou Y.G. ²¹² Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.000080
Proteobacteria	<i>Donghicola eburneus</i>	Nitrógeno - Carbono	Utiliza piruvato, l -Arabinosa, d -Glucosa, d -Fructosa, d- galactosa, d- celobiosa, d -Manosa, Acetato y produce ácido a partir de lactosa, d- manitol, sacarosa, maltosa, l -Arabinosa, d -Glucosa, d -Fructosa, d- galactosa. Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Agua	Yoon J.H, Kang S.J, Oh T.K. ²¹³ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.64577-0
Proteobacteria	<i>Defluviimonas indica</i>	Nitrógeno - Carbono	Utiliza d-manitol, presenta actividad de la enzima Ureasa y reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Jiang L, Xu H, Shao Z, Long M. ²¹⁴ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.061614-0
Proteobacteria	<i>Citricella aestuarii</i>	Nitrógeno - Carbono	Asimila d -glucosa, d -manitol y gluconato. Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Park M.S, Chung B.S, Lee H.J, Jin H.M, Lee S.S, Oh Y.K, et al. ²¹⁵ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.028332-0
Proteobacteria	<i>Breoghania corrubedonensis</i>	Nitrógeno - Carbono	Utiliza glucosa, arabinosa, manitol, d-sorbitol, adipato, gluconato, acetato, malato, piruvato, acetona; se produce ácido a partir de l- arabinosa, presenta actividad de las enzimas arginina dihidrolasa, ornitina descarboxilasa y ureasa. Reduce nitratos a nitritos por la enzima nitrato reductasa	Sedimento	Gallego S, Vila J, Nieto J.M, Urdiain M, Rosselló R, Grifoll M. ²¹⁶ Disponible en: https://doi.org/10.1016/j.syapm.2010.06.005
Proteobacteria	<i>Methyloceanibacter caenitepidi</i>	Nitrógeno - Carbono	Participa en el metabolismo del metano por medio de asimilación de formaldehído, vía de la serina y realiza la reducción asimilatoria del nitrato por las enzimas nitrato reductasa y ferredoxina-nitrito reductasa	Sedimento	KEGG Methyloceanibacter caenitepidi. ²¹⁷ Disponible en: https://www.genome.jp/dbget-bin/get_linkdb?-t+pathway+gn:T03636
Proteobacteria	<i>Rhizobium daejeonense</i>	Nitrógeno - Carbono	Utiliza acetato, l- alanina, maltosa, d -glucosa, fucosa, d -sorbitol, l- prolina, ramnosa, d -ribosa, inositol, dl- lactato, arabinosa, manosa, manitol, maltosa y presenta actividad de las enzimas Ureasa y β - galactosidasa	Agua	Quan Z.X, Bae H.S, Baek J.H, Chen W.F, Im W.T, Lee S.T. ²¹⁸ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.63667-0

Proteobacteria	<i>Phyllobacterium brassicacearum</i>	Nitrógeno - Carbono	Utiliza α - d -glucosa, d -manosa, maltosa, l - arabinosa, d -manitol, l- serina, l- alanina y n - acetil- d -glucosamina. Presenta actividad de las enzimas β - galactosidasa y Ureasa	Sedimento	Mantelin S, Saux M.F.L, Zakhia F, Béna G, Bonneau S, Jeder H, et al. ²¹⁹ Disponible en: https://doi.org/10.1099/ijs.0.63911-0
----------------	---------------------------------------	------------------------	--	-----------	--

Microorganismos procariotas destacados en los ciclos del carbono y nitrógeno o por su capacidad de biorremediación.