

Identificación y perfilado taxonómico de la comunidad bacteriana en aguas miel de café

Identification and taxonomic profiling of the bacterial community in coffee wastewater

Victoria Yong-Tencio¹, María Celeste Bonilla-Picado²

Fecha de recepción: 22 de octubre, 2025

Fecha de aprobación: 11 de febrero, 2026

Yong-Tencio, V; Bonilla-Picado, M.C. Identificación y perfilado taxonómico de la comunidad bacteriana en aguas miel de café . *Tecnología en Marcha*. Vol. 39 N° 3. Julio-Setiembre, 2026. Pág. 104-114.

 <https://doi.org/10.18845/tm.v39i3.8266>



- 1 Instituto Tecnológico de Costa Rica. Costa Rica.
 yongvic@estudiantec.cr
 <https://orcid.org/0000-0003-0773-0455>
- 2 Instituto Tecnológico de Costa Rica. Costa Rica
 celestebonillamc@estudiantec.cr
 <https://orcid.org/0009-0002-5261-0938>

Palabras clave

Metataxonomía 16s; economía circular; microbioma; biotecnología; diversidad microbiana.

Resumen

La miel de café, subproducto del proceso húmedo de beneficiado del grano, contiene altos niveles de materia orgánica que, al ser desechada sin tratamiento, contribuye a la contaminación de cuerpos de agua y deterioro ambiental. Sin embargo, este residuo alberga comunidades bacterianas con potencial biotecnológico aún poco estudiado. El objetivo de esta investigación fue determinar la diversidad de comunidades bacterianas presentes en la miel de café y evaluar su potencial para aplicaciones en un modelo de economía circular. Se analizaron cuatro muestras de miel de café mediante secuenciación del gen 16S rRNA (regiones V3–V4) en plataforma Illumina MiSeq. El procesamiento bioinformático incluyó control de calidad, obtención de ASVs en QIIME2 y clasificación taxonómica con la base de datos SILVA. El análisis de diversidad alfa (índices Observed, Chao1, Shannon y Simpson) reveló una comunidad rica y variable, dominada por filos como *Proteobacteria*, *Acidobacteriota*, *Actinobacteriota* y *Chloroflexi*. Estos grupos incluyen taxones con capacidades para biorremediación, degradación de compuestos orgánicos, producción de enzimas termoestables y metabolitos bioactivos. Los resultados sugieren que la miel de café, más que un desecho contaminante, puede ser una fuente valiosa para aplicaciones industriales sostenibles, ofreciendo oportunidades para innovaciones que beneficien al sector cafetalero y al ambiente.

Keywords

16S Metataxonomics; circular economy; microbiome; biotechnology; microbial diversity.

Abstract

Coffee wastewater, a by-product generated during the wet processing of coffee beans, contains high levels of organic matter that, when discharged without treatment, contributes to water pollution and environmental degradation. However, this residue harbors bacterial communities with biotechnological potential that remain largely unexplored. The objective of this study was to determine the diversity of bacterial communities present in coffee wastewater and assess their potential for applications within a circular economy model. Four coffee wastewater samples were analyzed through 16S rRNA gene sequencing (V3–V4 regions) using the Illumina MiSeq platform. Bioinformatic processing included quality control, generation of ASVs using QIIME2, and taxonomic classification based on the SILVA database. Alpha diversity analysis (Observed, Chao1, Shannon, and Simpson indices) revealed a rich and variable community dominated by phyla such as *Proteobacteria*, *Acidobacteriota*, *Actinobacteriota*, and *Chloroflexi*. These groups include taxa with capabilities for bioremediation, degradation of organic compounds, production of thermostable enzymes, and bioactive metabolites. The results suggest that coffee wastewater, rather than being solely an environmental pollutant, represents a valuable resource for sustainable industrial applications, offering opportunities for innovations that can benefit the coffee sector and contribute to environmental sustainability.

Introducción

La miel de café es un subproducto generado en el proceso húmedo de beneficiado del grano de café, caracterizado por su alto contenido de compuestos orgánicos como celulosa, hemicelulosa, pectina, sacarosa, monosacáridos, lípidos, proteínas, polifenoles y vitaminas [1].

Tradicionalmente, este residuo se desecha en cuerpos de agua sin tratamiento, lo que provoca eutrofización y deterioro de la calidad del agua, afectando tanto a los ecosistemas como a la salud humana [2,3,4].

Los residuos agrícolas, incluyendo la miel de café, albergan comunidades bacterianas complejas que participan en la descomposición de materia orgánica y la producción de metabolitos de interés biotecnológico, como ácidos orgánicos, enzimas y otros compuestos bioactivos [5]. En residuos de café, la microbiota estuvo dominada por *Bacillus coagulans* y bacterias lácticas (*Lactobacillus*, *Leuconostoc*), que producen ácido láctico y acético bajo condiciones anaerobias. Estos metabolitos pueden usarse para fabricar biopolímeros (PLA, PHAs) o como conservantes y acidulantes naturales en alimentos [6].

A pesar de estos hallazgos, la miel de café permanece poco estudiada en cuanto a su microbiota bacteriana. Hasta el momento no se dispone de estudios que describan de manera detallada la diversidad de especies presentes, ni que analicen el potencial de estos microorganismos para ser aprovechados en procesos de biotransformación o biorremediación dentro de un modelo de economía circular. Dado que el enfoque utilizado es la metataxonómica 16S, las inferencias funcionales obtenidas son únicamente potenciales y requieren ser validadas mediante aislamientos, ensayos enzimáticos o aproximaciones de metagenómica shotgun.

La aplicación de secuenciación masiva del gen 16S rRNA en plataformas como Illumina MiSeq, junto con rigurosos análisis bioinformáticos posibilita un perfilamiento taxonómico de alta resolución, capaz de detectar tanto los taxones dominantes como aquellas especies raras de elevado interés biotecnológico [7].

Se espera que este proyecto amplíe el conocimiento sobre la microbiota de la miel de café y abra vías para aplicaciones industriales y agrícolas que conviertan este residuo en un recurso valioso. Al perfilar sus comunidades bacterianas, se podrán desarrollar tecnologías más limpias y sostenibles, beneficiando a cafetaleros y ecosistemas locales. Además, contribuye a los ODS de Producción y Consumo Responsable (12), Vida Submarina (14) y Vida de Ecosistemas Terrestres (15), promoviendo una economía circular innovadora [8]. Por tanto, el objetivo de la investigación es determinar la diversidad de las comunidades bacterianas en la miel de café con miras a su potencial en futuras aplicaciones dentro del contexto de la economía circular.

Materiales y métodos

Se procesaron 30 ml de tres muestra de miel de café mediante centrifugación a 10 000 rpm durante 10 min a 24 °C. El sobrenadante resultante se filtró al vacío usando filtros de nitrato de celulosa de 0,2 µm, y el material retenido se empleó para la extracción de ADN con el kit PureLink Genomic DNA Kit.

Para evaluar la calidad e integridad del ADN, se preparó un gel de agarosa al 1,5 % con tampón de carga 6× TriTrack DNA Loading Dye y marcador Gene Ruler 1 kb DNA Ladder, y se realizó electroforesis a 70 V durante 50 min. A continuación, la concentración de ADN de las cuatro muestras se cuantificó mediante espectrofotometría Nanodrop.

El ADN extraído se sometió a secuenciación de nueva generación del gen 16S rRNA (regiones V3–V4) utilizando los cebadores universales Bakt_341F (5'-CCTACGGGNGGCWGCAG-3') y Bakt_805R (5'-GACTACHVGGGTATCTAATCC-3'). La secuenciación, con lecturas de 2 × 300 pb, se llevó a cabo en la plataforma Illumina MiSeq. El análisis de las comunidades bacterianas presentes en muestras de miel de café se llevó a cabo mediante un enfoque bioinformático basado en la secuenciación del gen 16S rRNA por medio de QIIME2. En primer lugar, el control de calidad de las secuencias crudas se realizó utilizando FastQC. Tras la verificación de la calidad, se procedió con el análisis metataxonómico en QIIME2. Se utiliza los parámetros:

truncLenF/R = <212>/<212>, maxEE = <2>/<0>, truncQ = 2, remoción de quimeras 'consensus', la corrección de errores y la obtención de Amplicon Sequence Variants (ASVs). Posteriormente, se asignó la clasificación taxonómica utilizando la base de datos SILVA (versión 138.2) como referencia [9].

Una vez obtenida la tabla de ASVs con sus asignaciones taxonómicas, se exportaron los resultados para su análisis en R mediante el paquete microeco. Este paquete permite explorar la estructura de la comunidad microbiana, realizar análisis de diversidad alfa y visualizar los resultados taxonómicos mediante gráficos. Se aplicaron filtros para eliminar taxones poco abundantes y se agruparon las secuencias por niveles taxonómicos relevantes (por ejemplo, filo o género) según los objetivos del análisis. A partir de este objeto, se visualizaron las familias y géneros bacterianos más abundantes y se calcularon índices de diversidad alfa (Observed, Chao1, Shannon y Simpson) para comparar la riqueza y equidad entre las muestras [10].

Finalmente, se llevó a cabo una revisión exhaustiva de la literatura en bases de datos científicas como PubMed, Scopus y Google Scholar, con el fin de identificar estudios que describan las capacidades metabólicas de las bacterias identificadas, analizando la información recopilada para determinar su potencial en la producción de metabolitos útiles en aplicaciones industriales o agrícolas.

Resultados

La cuantificación del ADN mediante el NanoDrop para las cuatro muestras de la miel de café mostró las concentraciones y calidad detalladas en el cuadro 1.

Cuadro 1. Concentración y Calidad del ADN correspondiente a las cuatro muestras en estudio de la miel de café.

Muestra	Concentración	Calidad (A260/A280)
1	18.3 ng/μL	0.95
2	18.9 ng/μL	0.89
3	18 ng/μL	0.90
4	16.5 ng/μL	0.86

A partir del análisis metagenómico se obtuvieron 735441 lecturas crudas (media ± DE por muestra: 183 860 ± 29 823). Tras el procesamiento con DADA2, 28.92%, 29.89%, 29.22% y 16.15% de las lecturas fueron retenidas para la muestra 1, 2, 3 y 4 respectivamente. Lo anterior resultó en la identificación de 5710 ASVs. Por su parte, la rarefacción se realizó a 27096 lecturas por muestra (Good's Coverage <0.99%).

A continuación, se presentan los resultados del análisis de diversidad y composición de comunidades bacterianas presentes en cuatro muestras de miel de café. Este análisis se enfocó en evaluar la riqueza y equitatividad de las comunidades microbianas así como la composición relativa de taxones a nivel de filo, familia y género.

Los índices Chao1 y Observed Features, mostraron que la muestra M3 presentó la mayor cantidad de taxones, seguido por la muestra M1, M2 y M4. En cuanto al índice de Shannon, se observan valores relativamente altos y similares en la muestra M1, M2 y M3, mientras que la muestra M4 presentó la diversidad más baja, lo que puede indicar dominancia de ciertos taxones. Por su parte, el índice de Simpson reveló una alta uniformidad en la muestra M2 seguido de la muestra M1, mientras que las muestras M3 y M4 mostraron valores más bajos, sugiriendo la dominancia de algunos taxones en la comunidad microbiana. Lo anterior

reafirma la tendencia observada en el índice de Shannon. Asimismo, a partir de este análisis se determinó que no existen diferencias estadísticamente significativas ($p > 0.05$) entre las cuatro muestras de miel de café para ninguno de los índices analizados (Figura 1).

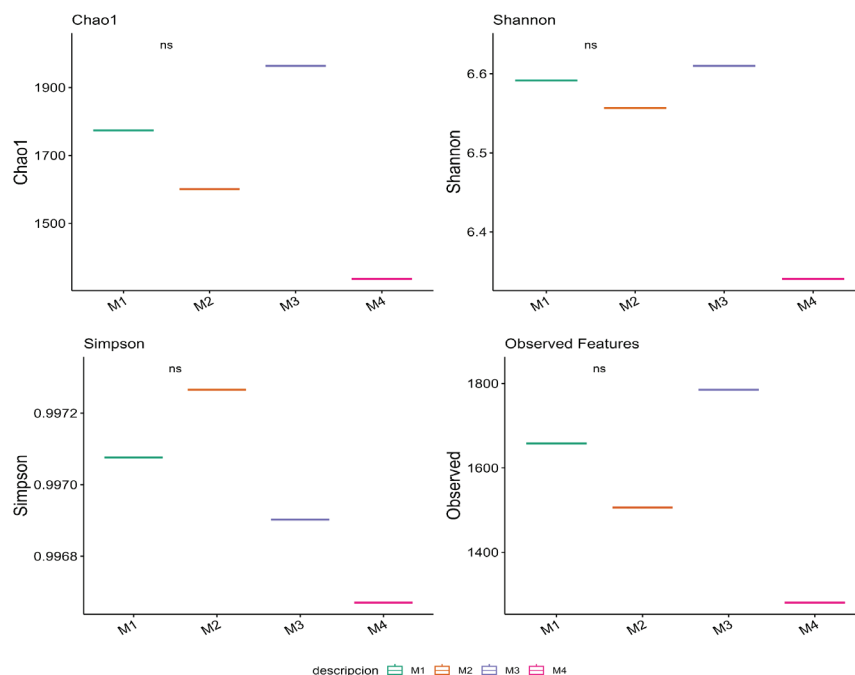


Figura 1. Diversidad alfa de las comunidades microbianas presentes en muestras de miel de café.

La clasificación taxonómica con respecto al filo reveló una gran diversidad de distintos grupos. De manera general los grupos más presentes en las cuatro muestras fueron *Proteobacteria*, *Acidobacteriota*, *Actinobacteriota* y *Chloroflexi* fluctuando su abundancia entre las distintas muestras. Para la muestra 1 y 3 los dos grupos que más predominaron fueron *Proteobacteria* y *Actinobacteriota*. Mientras que para la muestra 2 y 4 los grupos más abundantes fueron *Proteobacteria* y *Acidobacteriota* (Figura 2).

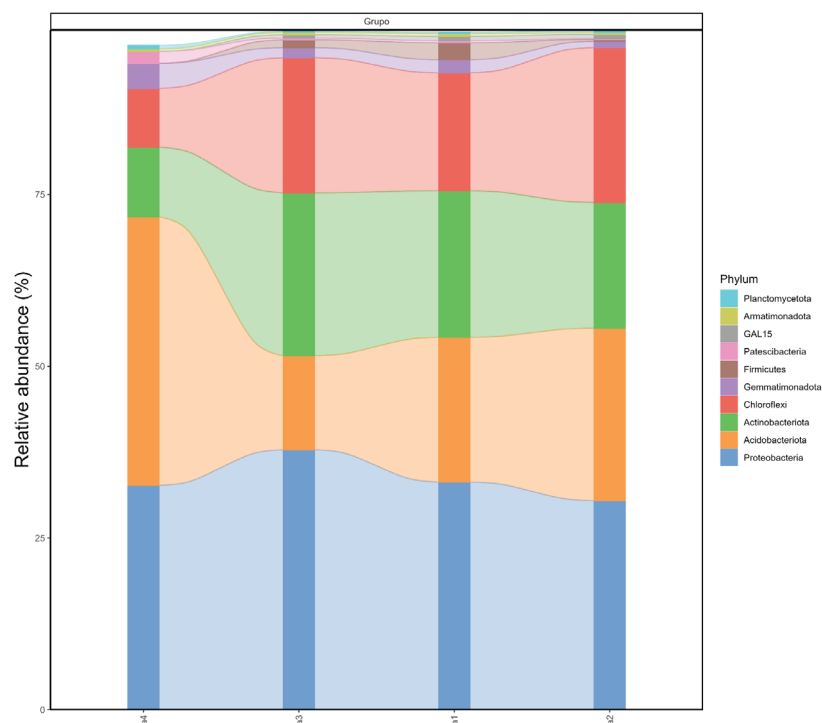


Figura 2. Composición taxonómica a nivel de filo para cuatro muestras de miel de café.

Con respecto a la composición taxonómica a nivel de familia se identificó una diversidad amplia de bacterias en las muestras analizadas. *Xanthobacteraceae* fue el grupo más abundante para la muestra 1, 2 y 3; otros grupos con mayor abundancia fueron MB-A2-108, *Ktdonobacteraceae* para la muestra 1 y 2 respectivamente. Por su parte la muestra 3 presentó abundancias balanceadas entre distintos grupos como *Ktdonobacteraceae*, MB-A2-108 e IMCC26256. En cuanto a la muestra 4, se identificó en gran cantidad un conjunto denominado *Subgrupo 5* así como el grupo *Xanthobacteraceae* y *Solibacteraceae* en abundancias cercanas (Figura 3).

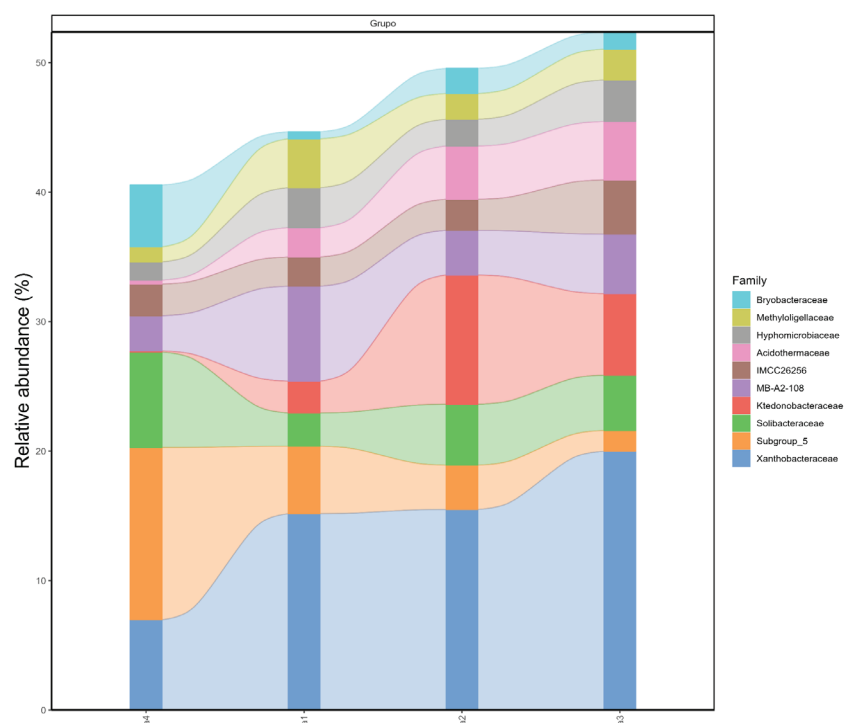


Figura 3. Composición taxonómica a nivel de familia para cuatro muestras de miel de café.

A nivel de género los taxones dominantes variaron entre las muestras. En la muestra 1 predominó *MB-A2-108* acompañado de una abundancia equilibrada entre distintos grupos como *Pedomicrobium*, *Acidothermus*, *IMCC26256*, *HSB_OF53-F07*, *Candidatus Solibacter* y el *Subgrupo 5*. Por su parte, la muestra 2 presentó como género predominante a *HSB_OF53-F07* y *Candidatus Solibacter*. Asimismo, en la muestra 3 se observa un perfil balanceado de abundancia entre distintos grupos como *HSB_OF53-F07*, *Candidatus Solibacter*, *MB-A2-108*, *Acidothermus* e *IMCC26256*. En cuanto a la muestra 4, *Candidatus Solibacter* y el conjunto denominado *Subgrupo 5* predominaron en abundancia (Figura 4).

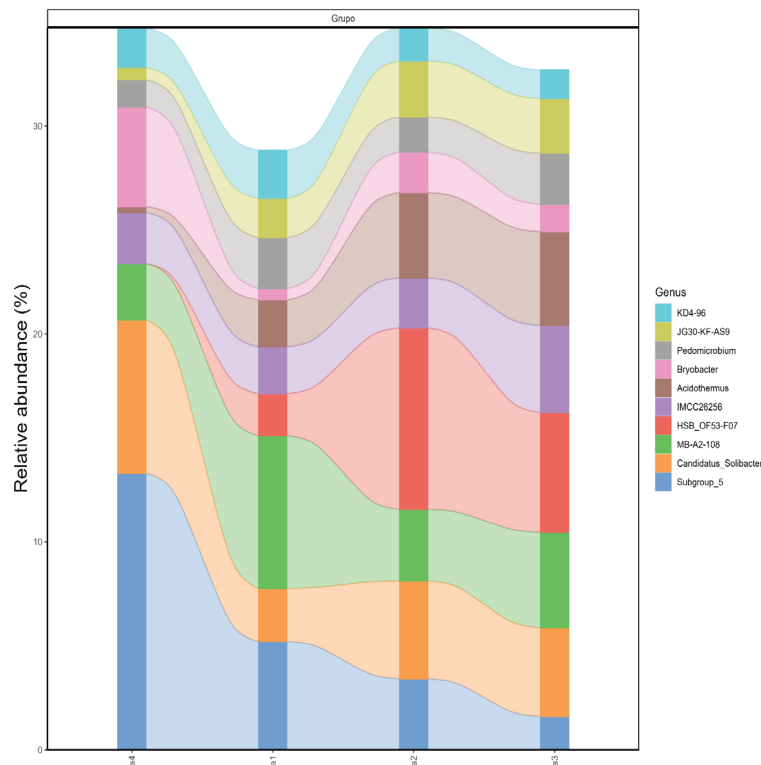


Figura 4. Composición taxonómica a nivel de género para cuatro muestras de miel de café.

Discusión

El análisis taxonómico de las comunidades bacterianas presentes en la miel de café permitió identificar grupos microbianos con funciones metabólicas relevantes. Esta caracterización no solo permite entender la estructura microbiana del producto, sino que también ofrece una oportunidad para explorar aplicaciones biotecnológicas de los taxones detectados, considerando tanto su rol ecológico como su potencial para procesos industriales o ambientales. Sin embargo, resulta importante destacar que al tratarse de un enfoque de análisis 16S RNA, los resultados no permiten una asignación funcional concluyente ni alcanzar una resolución a nivel de cepa. Por lo tanto, las asociaciones biotecnológicas descritas a continuación deben de ser consideradas como hipótesis de trabajo sujetas a verificación en estudios posteriores.

Dentro del filo de *Proteobacteria*, se identificaron distintas familias como *Hyphomicrobiaceae* que contiene al género *Pedomicrobium*, bacterias Gram-negativas que colonizan ambientes acuáticos, suelos, superficies minerales y relacionadas con el metabolismo de nitrógeno. Este género se destaca por oxidar Mn (II) y participar en su reciclaje y utilización en sinergia con otros microorganismos. Asimismo, se reporta su papel en la eliminación de iones metálicos, degradación de materia orgánica del suelo e inhibición de crecimiento de bacterias patógenas. A partir de ello, es posible reconocer el potencial biotecnológico en aplicaciones ambientales como la biorremediación de aguas contaminadas con metales pesados o suelos degradados e incluso como un agente de biocontrol [11]. Por otro lado, para la familia *Xanthobacteraceae*, estudios destacan la capacidad de este grupo de degradar compuestos orgánicos aromáticos policíclicos como naftaleno, benzo(a)pireno, fluoreno, antraceno y fenantreno. Por lo que la posiciona como una vía interesante para la biorremediación de ambientes contaminados [12].

Acidobacteriota es un filo en el cual se encuentra la familia *Bruobacteraceae*. Dentro de ella se identifica al género *Bryobacter* que se destaca por ser un grupo de bacterias quimiorganotróficas aeróbicas que participan en el ciclo biogeoquímico del carbono por medio del uso de polisacáridos y ácidos orgánicos. Esta versatilidad metabólica sugiere un potencial en aplicaciones de tratamiento de residuos lignocelulósicos o biofertilización. Asimismo, *Candidatus Solibacter* pertenece a la familia *Solibacteraceae*, y es capaz de oxidar el amonio en ambientes con bajo contenido de nutrientes y oxígeno. De modo que, es una gran opción para su uso en bioconversión de residuos agrícolas [13]. Por otro lado, en literatura más antigua el Subgrupo 5 se reporta en suelos ricos en materia orgánica, nutrientes y menor acidez [14]. Sin embargo, se carece de estudios recientes que provean una caracterización funcional o producción de metabolitos conocidos a nivel específico de este grupo.

Acidotherrmus, perteneciente a la familia *Acidotherrmaceae* y al filo *Actinobacteriota*, se destaca por ser tolerante a ambientes ácidos prosperando en suelos con pH bajos [15]. Este género presenta especies capaces de producir enzimas termoestables como la celulosa GuxA (GH/6/GH12), que es eficiente en la hidrólisis de biomasa vegetal en condiciones ácidas y altas temperaturas. Esta característica convierte a este conjunto de bacterias en candidatas interesantes para biorrefinerías y producción de combustibles [16]. Asimismo, *MB-A2-108* miembro del filo *Actinobacteriota*, se reporta en ambientes con baja disponibilidad de nutrientes. Este grupo destaca por su capacidad de tolerancia a condiciones adversas, resaltando la oportunidad de explorar su uso como parte de consorcios microbianos para la rehabilitación de ambientes degradados [17].

Otro grupo perteneciente al filo *Actinobacteriota* es *IMCC26256*, en el cual se han reportado clusters biosintéticos de metabolitos secundarios de terpenos conteniendo genes como escualano sintasa, licopeno ciclasa y poliprenil sintetasa, lo que sugiere que la bacteria podría sintetizar pigmentos derivados de terpenos. El segundo cluster identificado incluía una acil-CoA deshidrogenasa relacionada con la enzima CaiA, la cual se asocia con la producción de antibióticos tipo sacáridos. Lo anterior abre paso al descubrimiento de producción de compuestos bioactivos para aplicaciones farmacéuticas, cosméticas y agrícolas [18].

Por su parte, la familia *Ktedonobacteraceae* perteneciente al filo *Chloroflexi*, contiene bacterias heterótrofas comúnmente aisladas de suelos. Estas bacterias han demostrado una gran capacidad para sobrevivir con niveles sub atmosféricos de hidrógeno y monóxido de carbono como fuentes de energía. Esta habilidad se asocia a genes que codifican hidrogenasas y deshidrogenasas clave en la oxidación de estos gases. Estas características metabólicas abren paso a la posibilidad de aplicar estas bacterias en procesos de tratamiento de gases industriales o syngas, ofreciendo una alternativa para la reducción de emisiones contaminantes o la valorización de residuos gaseosos [19].

Para *HSB_OF53-F07* no se lograron encontrar estudios centrados en las características y potenciales biotecnológicos concretos. Lo anterior abre paso a la necesidad de investigaciones metagenómicas funcionales o aislamientos experimentales para conocer más a profundidad el potencial biotecnológico que este grupo de bacterias puede poseer.

Más allá de la descripción de taxones específicos, se observaron diferencias notables en la composición microbiana entre las distintas muestras analizadas. Estas variaciones son consistentes con distintos estudios que resaltan la complejidad microbiana en productos agrícolas, influenciada por condiciones específicas como el origen geográfico, prácticas de recolección o almacenamiento [20]. Esto sugiere una vía pertinente en investigaciones futuras para tener un mayor entendimiento del efecto de distintas variables en la microbiota de la miel de café.

Si bien los hallazgos de este estudio aportan información relevante, resulta importante señalar algunas limitaciones inherentes en este ensayo. En primer lugar, el tamaño de muestra resulta muy reducido y considerando que no se realizaron réplicas por condición, esto restringe la solidez estadística de los resultados. Asimismo, la carencia de covariables físicoquímicas relevantes como el pH, DQO/DBO, conductividad y °Brix limita la comprensión del entorno microbiano. Por otro lado, los resultados obtenidos de la relación $A_{260}/A_{280} < 1.0$ sugiere posibles impurezas en las extracciones de ADN, mientras que en los resultados también se evidenció la escasez de controles negativos. Finalmente, las inferencias funcionales obtenidas a partir de este análisis deben de considerarse únicamente como aproximaciones y no confirmaciones experimentales.

Conclusiones y/o recomendaciones

El perfilado de la comunidad bacteriana en la miel de café reveló una diversidad considerable de taxones pertenecientes a filos dominantes como *Proteobacteria*, *Acidobacteriota*, *Actinobacteriota* y *Chloroflexi*, con variaciones en abundancia según la muestra. Estos grupos incluyen géneros y familias con potencial biotecnológico para la biorremediación (eliminación de metales pesados y degradación de compuestos aromáticos), bioconversión de residuos agrícolas, producción de enzimas termoestables y compuestos bioactivos de interés en las industrias alimentaria, agrícola, energética y farmacéutica.

Los resultados confirman que la miel de café, más allá de ser un subproducto contaminante, puede constituir una fuente valiosa de recursos microbianos para procesos sostenibles dentro de un modelo de economía circular, beneficiando a productores y reduciendo impactos ambientales. Se recomienda profundizar los estudios mediante análisis metagenómicos y el aislamiento de cepas clave para evaluar su potencial en biorremediación, producción de biopolímeros y biocombustibles. Además, se sugiere establecer colaboraciones con la industria cafetalera para desarrollar aplicaciones sostenibles que valoricen la miel de café dentro de un modelo de economía circular.

Referencias

- [1] E. M. Ijanu, M. A. Kamaruddin, and F. A. Norashiddin, "Coffee processing wastewater treatment: a critical review on current treatment technologies with a proposed alternative," *Appl Water Sci*, vol. 10, no. 1, pp. 1–11, Jan. 2020, doi: 10.1007/S13201-019-1091-9/FIGURES/2.
- [2] J. C. M. J. Cancho, J. G. J. Morales, E. V. Santos, J. E. G. Collao, and J. O. Dilas-Jiménez, "Limpieza del agua miel proveniente del beneficiado húmedo del café mediante polímeros naturales orgánicos," *Alpha Centauri*, vol. 3, no. 3, pp. 02–10, Jul. 2022, doi: 10.47422/AC.V3I3.84.
- [3] N. S. M. Said, S. R. S. Abdullah, N. 'Izzati Ismail, H. A. Hasan, and A. R. Othman, "Integrating treatment processes of coffee processing mill effluent for reclamation of secondary resources," *J Clean Prod*, vol. 386, p. 135837, Feb. 2023, doi: 10.1016/j.jclepro.2022.135837.
- [4] Y. A. Alemayehu, S. L. Asfaw, and T. A. Tirfie, "Management options for coffee processing wastewater. A review," *J Mater Cycles Waste Manag*, vol. 22, no. 2, pp. 454–469, Mar. 2020, doi: 10.1007/S10163-019-00953-Y/METRICS.
- [5] B. Duong, P. Marraccini, J. L. Maeght, P. Vaast, M. Lebrun, and R. Duponnois, "Coffee Microbiota and Its Potential Use in Sustainable Crop Management. A Review," *Front Sustain Food Syst*, vol. 4, p. 607935, Dec. 2020, doi: 10.3389/FSUFS.2020.607935/XML/NLM.
- [6] C. Hermansen, Q. K. Chong, S. Ho, F. Natali, M. Weingarten, and E. C. Peterson, "Microbiome Evolution of Brewer's Spent Grain and Spent Coffee Ground Solid Sidestreams Under Industrial Storage Conditions," *Applied Sciences (Switzerland)*, vol. 14, no. 21, p. 9759, Nov. 2024, doi: 10.3390/APP14219759/S1.
- [7] I. Abellan-Schneyder *et al.*, "Primer, Pipelines, Parameters: Issues in 16S rRNA Gene Sequencing," *mSphere*, vol. 6, no. 1, Feb. 2021, doi: 10.1128/MSPHERE.01202-20/SUPPL_FILE/MSPHERE.01202-20-ST005.PDF.
- [8] K. Tsigkou *et al.*, "Coffee processing waste: Unlocking opportunities for sustainable development," *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, vol. 210, p. 115263, Mar. 2025, doi: 10.1016/J.RSER.2024.115263.

- [9] E. Bolyen, JR. Rideout, MR. Dillon, NA. Bokulich, CC. Abnet, GA Al-Ghalith, *et al.*, "Reproducible, interactive, scalable and extensible microbiome data science using QIIME 2," *Nature Biotechnology*, vol. 37, pp. 852–857, Jul.2019, doi: 10.1038/s41587-019-0209-9.
- [10] C. Liu, Y. Cui, X. Li y M. Yao, "microeco: An R package for data mining in microbial community ecology," *FEMS Microbiology Ecology*, vol. 97, no. 2, Feb.2021, doi: 10.1093/femsec/fiaa255.
- [11] T. Zhang, S. Wang, S. Rana, Wang, Y., Z. Liu, Q. Cai, et al., "Analysis of Leaf and Soil Nutrients, Microorganisms and Metabolome in the Growth Period of *Idesia polycarpa* Maxim," *Microorganisms*, vol. 12, no. 4, p. 746, Apr.2024, doi: 10.3390/microorganisms12040746.
- [12] M. Zhou, Z. Liu y B. Hu, "Impact of arsenic and PAHs compound contamination on microorganisms in coking sites: From a community to individual perspective," *Environmental Pollution*, vol. 360, p. 124628, Nov.2024, doi: 10.1016/j.envpol.2024.124628.
- [13] Z. Zou, K. Yuan, L. Ming, Z. Li, Y. Yang, R. Cheng, et al., "Changes in Alpine Soil Bacterial Communities With Altitude and Slopes at Mount Shergyla, Tibetan Plateau: Diversity, Structure, and Influencing Factors," *Frontiers in Microbiology*, vol. 12, p. 839499, May.2022, doi: 10.3389/fmicb.2022.839499.
- [14] A. Navarrete, A. Venturini, K. Meyer, A. Klein, J. Tiedje, N. Bohannan, et al., "Differential Response of Acidobacteria Subgroups to Forest-to-Pasture Conversion and Their Biogeographic Patterns in the Western Brazilian Amazon", *Frontiers in Microbiology*, vol.6, Dec.2015, doi: 10.3389/fmicb.2015.01443
- [15] A. Khan, Y. Wei, M. Adhan, I. Ali y M. Zhang, "Dynamics of rhizosphere bacterial communities and soil physio-chemical properties in response to consecutive ratooning of sugarcane," *Frontiers in Microbiology*, vol. 14, p. 1197246, Jul.2023, doi: 10.3389/fmicb.2023.1197246.
- [16] N. Hengge, S. Mallinson, P. Pason, V. Lunin, M. Alahuhta, D. Chung, M. Himmel, J. Westpheling y Y. Bumble, "Characterization of the Biomass Degrading Enzyme GuxA from *Acidothermus cellulolyticus*," *International Journal of Molecular Sciences*, vol. 23, no. 11, p. 6070, May.2022, doi: 10.3390/ijms23116070.
- [17] W. Qin, J. Zhao, Q. Gao, S. Song, S. Wang y B. Zhang, "Bacterial Community Shifts in Casing Soil Before and After the Cultivation of *Oudemansiella raphanipes*," *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, vol. 22, pp. 4116-4126, Oct.2022, doi: 10.1007/s42729-022-01011-7.
- [18] V. Waschulin, C. Borsetto, R. James, K. Newsham, S. Donadio, C. Corre y E. Wellington, "Biosynthetic potential of uncultured Antarctic soil bacteria revealed through long-read metagenomic sequencing," *The ISME Journal*, vol. 16, pp. 101-111, Jul.2021, doi: 10.1038/s41396-021-01052-3.
- [19] A. Freches y J. Fradinho, "The biotechnological potential of the Chloroflexota phylum," *American Society of Microbiology*, vol. 90, no. 6, May.2024, doi: 10.1128/aem.01756-23.
- [20] A. E. Peñuela-Martínez, A. V. Velasquez-Emiliani y C. A. Angel, "Microbial Diversity Using a Metataxonomic Approach, Associated with Coffee Fermentation Processes in the Department of Quindío, Colombia," *Fermentation*, vol. 9, no. 4, p. 343, Mar.2023, doi: 10.3390/fermentation9040343

Declaración sobre uso de Inteligencia Artificial (IA)

Los autores aquí firmantes declaramos que no se utilizó ninguna herramienta de IA para la conceptualización, traducción o redacción de este artículo.