

Pseudomonas extremaustralis: una revisión de sus propiedades y características generales

Pseudomonas extremaustralis: a review of its properties and general characteristics

María Fernanda Bejarano Carrasquilla¹, Laura Camila Urrego Caro², Sandra Mónica Estupiñán Torres³

Resumen

Este estudio tiene como objetivo sintetizar y analizar la información disponible sobre *Pseudomonas extremaustralis*, una bacteria psicrotrófica aislada de la Antártida, conocida por su capacidad para adaptarse a condiciones ambientales extremas y su potencial en la biorremediación. Se realizó una revisión exhaustiva de la literatura utilizando el método PRISMA en bases de datos como ScienceDirect, Embase, PubMed, la Biblioteca Nacional de Medicina (NLM) y Google Scholar. Los criterios de inclusión fueron artículos originales publicados después de 2019 que mencionaran a la bacteria *Pseudomonas extremaustralis*.

Pseudomonas extremaustralis exhibe una notable flexibilidad metabólica, lo que le permite prosperar en ambientes con bajas temperaturas y altas concentraciones de contaminantes. Su capacidad para adquirir genes a través de la transferencia horizontal le otorga resistencia a metales pesados e hidrocarburos, mientras que su formación de biopelículas mejora la degradación de estos compuestos. Además, sintetiza polímeros de reserva como los poli-hidroxialcanoatos (PHA), que son cruciales para su supervivencia en entornos adversos.

En conclusión, *Pseudomonas extremaustralis* es un microorganismo altamente adaptable y versátil con aplicaciones potenciales en la biorremediación de ambientes contaminados. Su capacidad para degradar contaminantes y soportar condiciones extremas la convierte

1. Grupo Calidad de Aguas. Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá.

ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-6280-5371>

Google Scholar: <https://scholar.google.es/citations?user=R00rTFoAAAAJ&hl=es>

2. Grupo Calidad de Aguas. Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá.

ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-9105-3066>

Google Scholar: https://scholar.google.com/citations?view_op=new_profile&hl=es

3. Grupo Calidad de Aguas. Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá.

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6937-4567>

Google Scholar: <https://scholar.google.com/citations?user=pPQcLgYAAAAJ&hl=es&oi=ao>

Correspondencia: sestupinan@unicolmayor.edu.co

en una herramienta valiosa para mitigar la contaminación ambiental y en un modelo ideal para estudiar la adaptación microbiana.

Palabras clave: *Pseudomonas*, biorremediación, genoma bacteriano, resistencia bacteriana, biopolímeros

Abstract

This study aims to synthesize and analyze the available information on *Pseudomonas extremaustralis*, a psychrotrophic bacterium isolated from Antarctica, known for its ability to adapt to extreme environmental conditions and its potential in bioremediation. A comprehensive literature review was conducted using the PRISMA methodology, drawing from databases such as ScienceDirect, Embase, PubMed, the National Library of Medicine (NLM), and Google Scholar. Inclusion criteria were original articles published after 2019 that referenced *Pseudomonas extremaustralis*.

Pseudomonas extremaustralis exhibits remarkable metabolic flexibility, allowing it to thrive in environments characterized by low temperatures and high concentrations of contaminants. Its ability to acquire genes through horizontal gene transfer confers resistance to heavy metals and hydrocarbons, while its capacity for biofilm formation enhances the degradation of these compounds. Additionally, it synthesizes reserve polymers such as polyhydroxyalkanoates (PHAs), which are crucial for its survival under adverse conditions.

In conclusion, *Pseudomonas extremaustralis* is a highly adaptable and versatile microorganism with promising applications in the bioremediation of contaminated environments. Its ability to degrade pollutants and endure extreme conditions makes it a valuable tool for mitigating environmental contamination and an ideal model for studying microbial adaptation.

Keywords: *Pseudomonas*, biodegradation environmental, bacterial genome, drug resistance bacterial, biofilms.

Introducción

El género *Pseudomonas*, subclase *Gammaproteobacteria*, del phylum *Pseudomonadota* (1), es un género bacteriano ubicuo y metabólicamente versátil, además es el género de bacterias Gram-negativas con mayor número de especies, puesto que este género identifica 255 especies válidamente nombradas y 13 subespecies, según la lista publicada en la base de datos Names For Life (2). Por ende, se conoce que el género *Pseudomonas* es ampliamente distribuido en la naturaleza (3), ya que contiene especies extremadamente diversas aisladas de una amplia gama de ambientes, incluidos plantas, animales, suelo, aire y agua (4). Por lo tanto, es posible encontrarlas en ambientes con bajas temperaturas, altas salinidades y también en aquellos contaminados con hidrocarburos (1).

El género *Pseudomonas* fue descrito por el botánico alemán Walter Mingula en 1984, de acuerdo con las características morfológicas de sus miembros, Mingula lo describió como células con órganos polares de motilidad, ya que tienen movilidad por flagelos. Presentan morfología bacilar, afinidad negativa a la coloración de Gram, no son fermentadores de glucosa y son oxidasa positiva (5). Durante años este género comprendió muchas especies que pocas veces estaban correctamente caracterizadas, por lo tanto, el trabajo de Stanier estableció como variables las características fisioló-

gicas y bioquímicas para establecer la base taxonómica. En el mismo año, se revisó el género y se implementó una subdivisión de cinco grupos sobre la base de los resultados de la hibridación ADN-ADN y de AR-Nr-ADN. Bajo la anterior consideración el género de *Pseudomonas sp.* es uno de los más complejos y aún se describen nuevas especies continuamente (6).

Morfológicamente son bacilos Gram negativos, generalmente móviles, con gran variedad metabólica y consiguientemente son idóneos para colonizar un extenso rango de ambientes. Se han aislado *Pseudomonas sp.* desde suelos no contaminados y contaminados por moléculas de origen biológico y xenobióticos(6).

Pseudomonas sp. es parte del microbiota en rizosfera y filoplano, habitan entornos acuáticos, y también se encuentran especies que son patógenos de la biota (*P. syringae*) o de seres humanos (*P. aeruginosa*)(6), en particular, las infecciones provocadas por *P. aeruginosa* son una de las causas principales de morbilidad y mortalidad entre pacientes con fibrosis quística (7).

En cuanto a su metabolismo en general, las especies de *Pseudomonas*, son metabólicamente versátiles y la energía se puede obtener de diferentes fuentes centrales y secundarias vías como la ruta de Entner-Doudoroff, la oxidación periplásmica de la glucosa (que involucra *gcd* y genes

gad), oxidación de etanol (incluidos los genes *exaA*, *exaB* y *exaC*), piruvato y arginina fermentación (incluidos los genes *ack*, *pta*, *adhA* y *ldhA* y *arcDABC* respectivamente) (8). El extenso potencial en rutas metabólicas en este tipo de bacterias se da por la presencia de plásmidos y transposones(6). Por lo mismo, las especies de *Pseudomonas* son capaces de utilizar n-alcános como fuente de carbono activando el hidrocarburo como primer paso clave(9).

Las propiedades generales del género son muy variadas y aplicables, por ejemplo, se ha descubierto que muchas especies de *Pseudomonas* acumulan PHA de cadena media(10). La acumulación de PHB es entonces, un atributo poco común en el género *Pseudomonas*(11). Las bacterias de este género pueden degradar hidrocarburos aromáticos como el benceno y tolueno y también demuestran resistencia múltiple a antibióticos e iones de metales pesados(12). Además, son bacterias capaces de sobrevivir a temperaturas y salinidad marinas relativamente bajas(13). Más aún, las *Pseudomonas* tienen la capacidad de tolerar y eliminar los PCB en mezclas de aroclor(14). También se ha evidenciado que *Pseudomonas* sp. posee un regulador global redox Anr que interviene en la formación de biopelículas, las cuales le otorgan protección a la bacteria contra el estrés físico y químico(15).

En el sector industrial, el género *Pseudomonas* tiene funciones destacadas en reci-

claje de materia orgánica en los entornos que habita. Además, estas bacterias tienen aplicación en biodegradación, ya que se utilizan en distintos procesos industriales, entre ellos la elaboración de biopolímeros y control de patógenos(6). Sin embargo, el género *Pseudomonas* es reconocido como el principal contaminante de los alimentos en la industria alimentaria, principalmente ha sido reportado en las plantas procesadoras de salmón, en las aves de corral, en la industria láctea y cárnica. Estudios realizados han aislado alrededor de 23 especies diferentes del género en estos entornos, siendo *P. fluorescens* la más abundante. Otras especies abundantes fueron *P. azotoformans*, *P. gessardii*, *P. libanesis*, *P. lundensis*, *P. cedrina* y *P. extremaustralis*(16). Sumado a eso, son capaces de generar distintos compuestos de interés como pigmentos con propiedades antibióticas y polímeros de relevancia biotecnológica como los alginatos y los polihidroxicanoatos(7).

Desde el ámbito del biocontrol, muchas *Pseudomonas* interactúan con las plantas y varias especies favorecen a la salud de las mismas antagonizando los microorganismos fitopatógenos, por ende se aplica un proceso de biocontrol que impacta directamente en la resistencia hacia enfermedades y en la promoción del crecimiento de las plantas, tanto en plantas endófitas, como en la rizosfera, de hecho, *P. fluorescens* es una de las especies más utilizadas con este fin (17).

En cuanto al entorno de la biorremediación, se han encontrado cepas con la capacidad de soportar metales pesados, disolventes orgánicos y desinfectantes, puesto que tienen la pericia de usar diversas fuentes de carbono(6).

Asimismo, este género bacteriano es de gran importancia desde una perspectiva ecológica al estar involucrado en los ciclos biogeoquímicos de los principales elementos y en la descomposición de contaminantes biogénicos y de procedencia antropogénica como el petróleo.

Pseudomonas extremaustralis

La bacteria *Pseudomonas extremaustralis*, denominada así por su aislamiento en el extremo sur de la Antártida, ha sido objeto de creciente interés desde su descripción inicial en 1894 (2). Investigadores españoles han recuperado una cepa de esta especie de aguas residuales (18), que posteriormente fue secuenciada, convirtiéndose en un modelo de estudio para la adaptación al estrés ambiental (19), ha sido recuperada de diversos ambientes antárticos, como charcas temporales y estanques, demostrando una notable adaptación a condiciones extremas (24,11, 25, 26). Esta adaptabilidad se ha observado tanto en ambientes mesófilos como en condiciones de baja temperatura, lo que resalta su versatilidad y resistencia(23).

Morfología

Pseudomonas extremaustralis es una bacteria con morfología bacilar, Gram negativa, móvil gracias a sus flagelos, no esporulada (21). La morfología de las colonias se asemeja a la textura de la crema con bordes irregulares, suaves, circular, lisas y no pigmentadas (6,21,22,24).

Genoma

Pseudomonas extremaustralis ha sido categorizada dentro del género *Pseudomonas* utilizando análisis filogenéticos basados en secuencias de genes como 16S rRNA, rpoD, gyrB, y rpoB (4). Estos análisis han permitido identificar tres linajes principales dentro del género y múltiples subdivisiones (4,16). En concreto, los análisis de secuencias de 16S rRNA han confirmado que los aislados de *P. extremaustralis* presentan una alta similitud con otras especies dentro del subgrupo *P. fluorescens* (26,27).

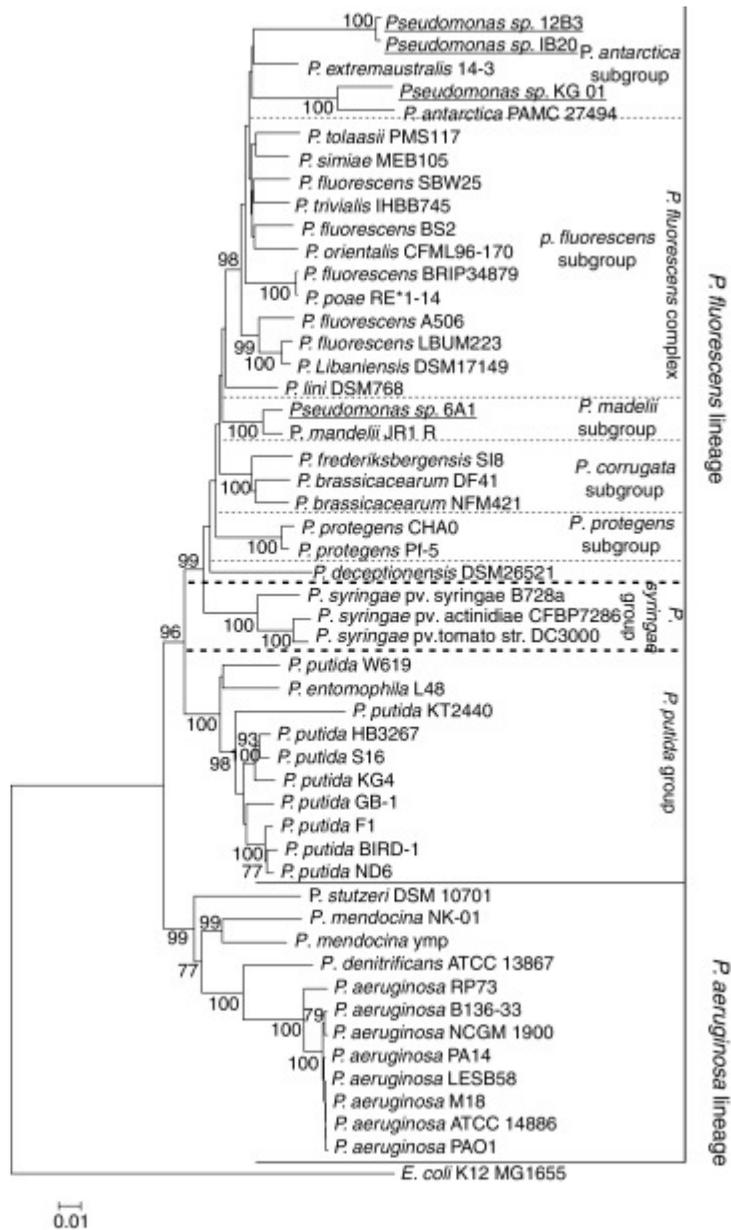


Figura 1. Árbol filogenético de máxima verosimilitud basado en las secuencias concatenadas de los genes 16S- *aroE* - *glnS* - *gyrB* - *ileS* - *rpoD* , que muestra la relación evolutiva entre miembros seleccionados del género *Pseudomonas*.

Tomado de: Vásquez-Ponce F, Higuera-Llantén S, Pavlov MS, Marshall SH, Olivares-Pacheco J. Phylogenetic MLSA and phenotypic analysis identification of three probable novel *Pseudomonas* species isolated on King George Island, South Shetland, Antarctica. *Braz J Microbiol* [Internet]. 2018;49(4):695–702. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.bjm.2018.02.005>.

Además, se ha descubierto que la bacteria posee una capacidad notable para adquirir genes a través de transferencia horizontal (TH)(28), lo que puede explicar su amplia distribución y tolerancia a diversos

ambientes (11,29). Esta TH ha resultado en la adquisición de genes relacionados con la resistencia osmótica y la biosíntesis de polihidroxitirato (PHB) (Figura 2) (18,30,31), la presencia de cajas *Anr* como

elemento clave en la unión y agregación celular, influyendo en las primeras etapas del desarrollo de biopelículas en *Pseudomonas extremaustralis*(2), secuencias de ADN que regulan la expresión génica, corriente arriba del codón ATG en varios genes que codifi-

can para chaperonas y proteínas de choque (32), elementos que se encuentran típicamente en islas genómicas que pueden contener genes de diversos orígenes y que son esenciales para la supervivencia de la bacteria en condiciones adversas (10,33–36).

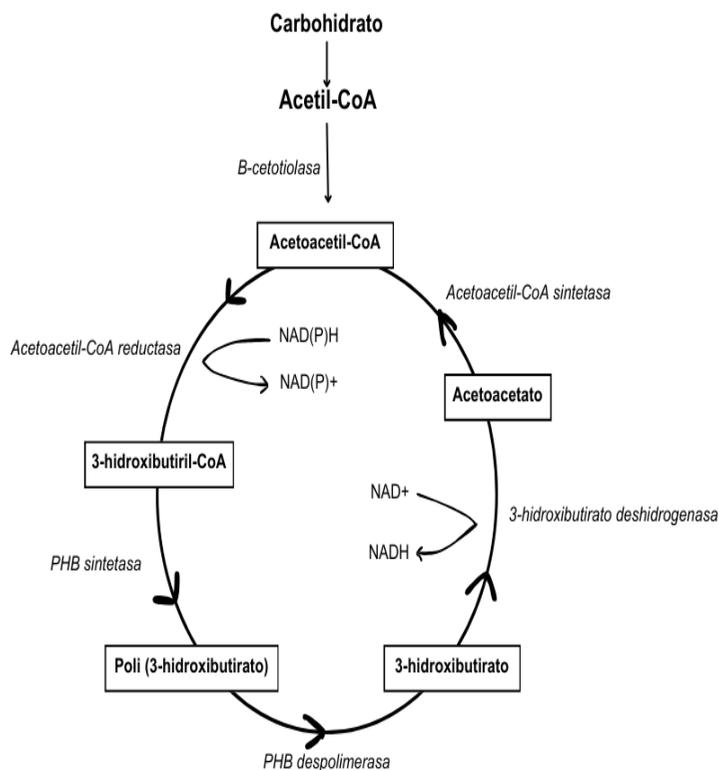


Figura 2. Metabolismo para la síntesis y de reducción intracelular PHB a partir de carbohidratos. Se enuncian las enzimas fundamentales del proceso. Modificado de Babel y Steinbüchel, 2001.

Hábitat y Temperatura

Pseudomonas extremaustralis es una bacteria psicrotrofica con una impresionante capacidad para adaptarse y colonizar una amplia gama de hábitats (33), incluyendo aquellos que presentan condiciones extremas para otras bacterias. Esta capacidad es evidente en su presencia en ambientes tan desafiantes como los ecosistemas antárticos, donde

ha sido aislada de estanques temporales y charcas (33,35). Además, se ha encontrado en aguas residuales, demostrando su versatilidad para prosperar en ambientes con variadas cargas orgánicas y contaminantes (33).

Además de su presencia en la Antártida, *Pseudomonas extremaustralis* ha sido detectada en diversas zonas geográficas, lo que sugiere una adaptabilidad que le permite

ajustarse a variaciones significativas en las condiciones ambientales. Esta bacteria se ha identificado en sistemas acuáticos y terrestres, participando activamente en el ciclo biogeoquímico de diversos elementos, lo

que destaca su rol ecológico en la degradación de materia orgánica y en procesos como la fijación de nitrógeno y la solubilización de fósforo(34).

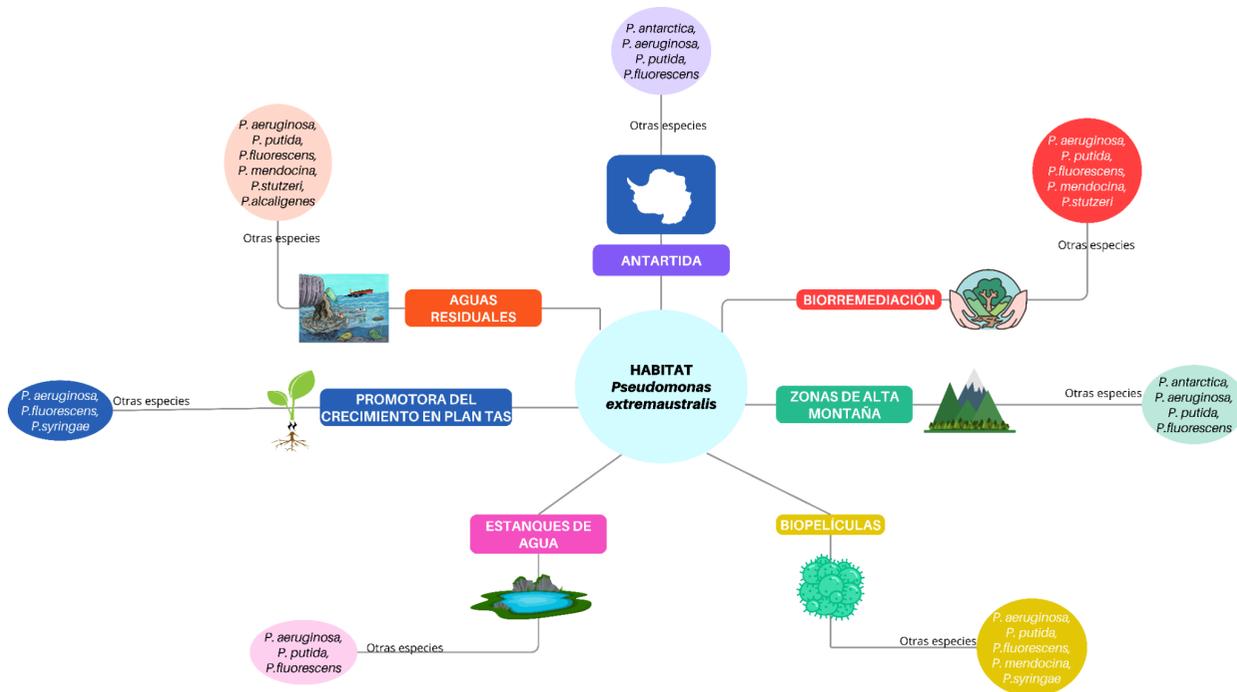


Figura 3. Distribución de hábitat de *Pseudomonas extremaustralis* (33-35).

La capacidad de *Pseudomonas extremaustralis* para crecer en un rango de temperatura que va de 4°C a 37°C es testimonio de su adaptación biológica a condiciones extremas. A temperaturas inferiores a los 10°C, se comporta como un psicrotrófico eficiente, siendo capaz de mantener su metabolismo y crecimiento(2,5,11). Esta bacteria ha mostrado una gran tolerancia al frío, pero no tolera temperaturas superiores a 42°C, donde su supervivencia y funcionalidad comienzan a comprometerse seriamente(37).

Los experimentos han demostrado que *Pseudomonas extremaustralis* puede alcanzar altas densidades celulares incluso a bajas temperaturas, como se evidenció en medios suplementados con octanoato de sodio a 4°C, donde alcanzó una densidad óptica significativa después de 72 horas de incubación (34). Estos resultados subrayan la robustez de sus sistemas adaptativos en respuesta a condiciones frías, permitiéndole proliferar donde otras bacterias no pueden(32).

Para afrontar las bajas temperaturas y otros estreses asociados, *Pseudomonas extremaustralis* ha desarrollado varias estrategias adaptativas. Entre ellas, la acumulación de polímeros de reserva como los polihidroxi-alcanoatos (PHA) es crucial, estos son sintetizados desde fuentes de carbono dispo-

nibles en el medio (figura 4)(10,12,38,39). Estos polímeros no solo proporcionan una fuente de energía durante períodos de escasez de nutrientes, sino que también ayudan a proteger las células contra el estrés osmótico y el daño oxidativo(35,38).

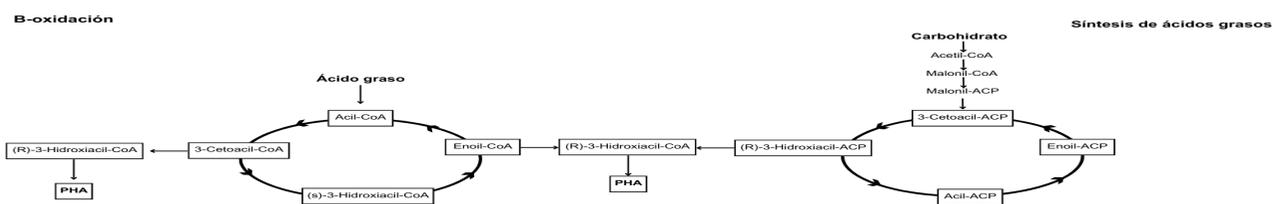


Figura 4. Ruta para sintetizar PHA a partir de ácidos grasos y carbohidratos en *Pseudomonas*. Modificado de Babel y Steinbüchel, 2001.

La síntesis de PHA y PHB, es fundamental para la supervivencia y adaptabilidad de *P. extremaustralis* ante diversos estresores ambientales. Estos compuestos de almacenamiento bacteriano juegan un papel crucial en la homeostasis redox celular y en la mejora de la motilidad bacteriana, lo que sugiere una estrategia adaptativa para enfrentar condiciones cambiantes en su entorno(26).

Este compuesto actúa como reserva energética y fuente de poder reductor, lo que contribuye a la supervivencia de la bacteria en ambientes fríos. Además, se ha observado una mayor actividad respiratoria en condiciones de suministro de oxígeno restringido, lo que podría estar relacionado con una mayor producción de especies reactivas de oxígeno (ROS)(21,22).

En su respuesta a condiciones de frío, *P. extremaustralis* muestra una completa batería genética de choque por frío. Esta incluye proteínas de choque por frío, como las Csp, así como el gen *gsmT*, implicado en la biosíntesis de glicina-betaina. Se cree que esta última puede actuar como un osmoprotector, lo que contribuiría a mantener el equilibrio osmótico bajo condiciones extremas(33).

Además, se destaca la capacidad de regulación genética mediante sRNA 40, relacionado con sistemas de secreción de proteínas, lo que sugiere una adaptabilidad frente a cambios ambientales y estrés oxidativo(3).

La capacidad de formar biopelículas es otra adaptación vital que le permite a esta bacteria sobrevivir en ambientes fríos y a menudo hostiles(35). Las biopelículas proporcionan

un microambiente controlado que protege a las células de las fluctuaciones extremas del medio, incluyendo la variabilidad en la

disponibilidad de nutrientes y la presencia de agentes tóxicos (35,40).

Tabla 1. Mecanismos de adaptación al estrés ambiental de *Pseudomonas extremaustralis* (3,21,22,26,33,35).

Fase	Mecanismo	Acción
Detección del estrés ambiental	Identificación de condiciones adversas mediante sensores y proteínas reguladoras	Genes: cheA cheY rpoN rpoS pprA ssrA
Respuesta inmediata al estrés	Expresión de proteínas de choque por frío (Csp)	Proteínas: CspA CsoB CspC CsoD
Mecanismos de adaptación a largo plazo	Síntesis de polihidroxibutirato (PHB) Formación de biopelículas Adaptaciones fisiológicas y metabólicas	Genes: phA, phB, phaC (genes involucrados en la biosíntesis de PHB) Función: Reserva energética y protección Elementos: Cajas Anr, genes de biopelícula (peIA, pelB y cpa) Función: Protección y estabilidad celular Capacidad: Uso de varios sustratos Actividad Respiratoria: Mayor en condiciones de oxígeno restringido Regulación Genética: Mediante sRNA 40, producción de glicina-betaína como osmoprotector

Metabolismo

Pseudomonas extremaustralis presenta un metabolismo no fermentativo en una amplia variedad de azúcares, siendo oxidasa positiva.

Esta bacteria también exhibe actividad de desnitrificación, ya que posee un gen que participa en la descomposición de nitritos,

nirM(34), además de utilizar otros genes nar (Figura 5), reduciendo el nitrato a especies de nitrógeno gaseoso mediante la participación de varios complejos enzimáticos clave(34), por lo tanto, es capaz de utilizar nitrato como aceptor de electrones alternativo(7,34). Sin embargo, aunque es capaz de reducir el nitrato, carece de los genes necesarios para una desnitrificación completa (2).

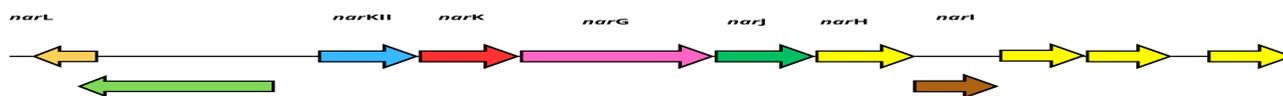


Figura 5. Región genómica específica de *P. extremaustralis* que alberga los genes responsables del proceso de utilización de nitrato, incluyendo las subunidades que componen la enzima nitrato reductasa. Los nombres de estos genes se encuentran indicados en la parte superior. Modificado de Tribelli Paula Maria, 2011.

En términos de su capacidad metabólica, estudios previos han destacado su versatilidad al utilizar diversos sustratos, incluyendo D-glucosa, L-arabinosa, y diferentes ácidos y alcoholes (19,34).

Su capacidad para crecer tanto en aerobiosis como en condiciones microaeróbicas o anaeróbicas, junto con su habilidad para fermentar arginina y piruvato, por medio de sus nueve genes que codifican enzimas esenciales para estas vías de fermentación (34), resalta la adaptabilidad metabólica única de esta especie en entornos extremos (24).

P. extremaustralis está equipada con un sofisticado sistema de defensa antioxidante que comprende cinco catalasas, una superóxido dismutasa, una citocromo c551 peroxidasa y dos alquil hidroperóxido reductasas (25,41). Su genoma también alberga nueve genes que codifican enzimas esenciales para las vías de fermentación de arginina dihidrolasa y piruvato (34).

Esta bacteria es positiva en la producción de catalasa, ácido indolacético, oxidasa, sideróforos, sintetiza pigmento fluorescente

en medio King B y las colonias son lisas, circulares y no pigmentadas, tiene capacidad solubilizadora de fosfatos, realiza la fijación de nitrógeno, es motil, sin embargo, no produce proteasas (5,6,7,25). Por otro lado, se encontró que la bacteria no produce indol, ni acidifica la glucosa, tampoco hidroliza la ureasa, β -galactosidasa, esculina, caseína, lecitina, almidón ni gelatina (41). Además, se está documentado que *P. extremaustralis* es positiva para originar pectinasa, proteasa, quitinasa y celulasa, además produce cianuro de hidrógeno (HCN) y ácido indol-3-acético (IAA)(6,42).

No es capaz de formar ácido y levano a partir de sacarosa, no produce la podredumbre blanda de la patata, ni genera 2-cetogluconato. No obstante, gracias al gen MalZ puede asimilar la maltosa, el ácido adípico y ácido fenilacético. Debido al biológico GEN III tiene la capacidad de digerir d-glucosamina y D-málico, pero no a la trehalosa, el ácido d-sorbitol-l-piroglutámico, el ácido p-hidroxifenilacético- l-ramnosa, al Tween 40, ni al N-acetil- ácido. Favorecida por el gen phoN tiene actividad enzimática de la fosfatasa ácida, la tripsina, en cambio con la Naftol-AS-BI-fosfohidrolasa

tiene un comportamiento cambiante y es negativa para la β -glucosidasa(2,26).

Biorremediación

Pseudomonas extremaustralis es conocida por su notable capacidad de resistencia y degradación de una variedad de compuestos tóxicos, incluidos metales pesados e hidrocarburos. Estos mecanismos adaptativos involucran genes como *copRSABCD*, *czcABCD* y *znuABC*, que permiten la resistencia a metales pesados como el arsénico, y vías de degradación de fenol y alcano, como *dmpKLMNOP* y *alkB* (6).

Esta bacteria es ideal para la biorremediación de entornos contaminados debido a su capacidad de degradar hidrocarburos (33,42).

Así mismo se ha descrito su capacidad para producir biosurfactantes en la naturaleza de biofilms, por medio de la acumulación de PHA, utilizando el diesel como única fuente de carbono (63).

P. extremaustralis realiza la degradación de alcanos de cadena larga por medio del gen *alkB*, seguido por los genes *praA* y *praB*, los cuales codifican las proteínas activadoras de la oxidación de alcanos, en naturaleza de biofilms, como la enzima alcano monooxigenasa (63).

El mioinositol estimula la formación de biopelículas en la bacteria *P. extremaustralis* cuando se cultiva en un ambiente con poco oxígeno, sirviendo como el único sustrato de carbono para el crecimiento bacteriano. Por lo tanto, esta estrategia puede ser aprovechada para diseñar biopelículas con propiedades específicas para la degradación de contaminantes (64).

En términos de condiciones ambientales, *P. extremaustralis* muestra una versatilidad notable. En condiciones micro aeróbicas o anaeróbicas, esta bacteria puede reducir el nitrato, aunque no puede completar la desnitrificación por falta de genes de nitrito reductasa. Además, su capacidad para formar biopelículas aumenta significativamente la degradación del diésel, destacando su eficacia en distintas aplicaciones industriales (2,43).

La resistencia de *P. extremaustralis* no se limita a los hidrocarburos. El estudio de Perelomov y colaboradores del año 2024, mostró que esta bacteria puede soportar altas concentraciones de cobre (hasta 4 mM) en un medio rico como LB (19,20).

Esta capacidad es complementada por su resistencia al estrés oxidativo, asociada a un alto contenido de PHB. Este fenotipo está vinculado a una mayor capacidad para degradar compuestos tóxicos como los metales pesados y el arsénico, sugiriendo una

adaptación multifacética a entornos hostiles (26,43,44).

En otro contexto, Fandiño Moreno y colaboradores del año 2023, aislaron la cepa *Pseudomonas extremaustralis* CSW01 de lodos de plantas de tratamiento de aguas residuales. Esta cepa demostró una notable capacidad para degradar altas concentraciones de paracetamol, utilizándolo como única fuente de carbono y energía y logró degradar hasta 500 mg/L de paracetamol en solo seis horas, destacando su potencial en la biorremediación de contaminantes farmacéuticos (6).

La capacidad de *P. extremaustralis* para resistir el arsénico también es destacable. Rózsa Farkas y colaboradores en el año 2023, revelaron que esta bacteria puede sobrevivir en concentraciones de As (III) de hasta 15,23 mM y mantener su viabilidad tras 72 horas de incubación en un medio con 4,06 mM de As (III). Los mecanismos de resistencia incluyen la activación del sistema Pst en presencia de altos niveles de arseniato y la utilización de un sistema de eflujo de resistencia al arsénico que emplea ATPasas de dos componentes (ArsA y ArsB) o un solo polipéptido (ArsB) (23,43,52).

Se determinó que la estructura de la comunidad bacteriana varía según los niveles de contaminación por arsénico. A medida que aumenta la concentración de arsénico, tam-

bién aumenta la diversidad de genes funcionales relacionados con el arsénico y genes de ARN 16S (50,53-57). Esto sugiere la coexistencia de diferentes grupos de genes relacionados con la resistencia y el metabolismo del arsénico, lo que permite a la bacteria reducir y oxidar el arsénico, mejorando su adaptación en ambientes ricos en este elemento (51,53,58-62).

El estudio de la capacidad de degradación de contaminantes por parte de *Pseudomonas extremaustralis* es de gran importancia ya que en muchas ocasiones se utilizan métodos tradicionales para la eliminación de estos y tiene como consecuencia la generación de subproductos tóxicos (14).

En un estudio realizado por MAG López y colaboradores en el año 2021 se evaluó la cepa ADA-5 aislada del tracto digestivo de un gusano, para identificar la capacidad de degradación y acumulación del contaminante organo-clorado decaclorobifenilo y se tuvo un resultado de 9,75% de degradación y un 19,98% de acumulación, por otro lado se identificaron modificaciones en la bacteria mostrando cambios en los lípidos de la membrana celular, disminución del 30% en fosfatidiletanolamina y aumento en fosfatidilglicerol 18% y cardiolipina 12% lo que indica adaptación al estrés causado por el contaminante, en esta investigación *pseudomonas extremaustralis* ADA-5 demostró un alto potencial para la biorremediación

de contaminantes persistentes y difíciles de eliminar como lo son los compuestos organoclorados, estos resultados abren posibi-

lidades para la aplicación y utilización de esta cepa para remediar suelos contaminados (14).

Tabla 2. Capacidad de *Pseudomonas extremaustralis* para degradar diferentes compuestos tóxicos bajo distintas condiciones ambientales (6,14,23,43-52).

Compuesto Tóxico	Condición Ambiental	Eficiencia de Degradación (%)
Paracetamol	Medio rico en LB	95% (basado en la capacidad para degradar 500 mg/L en seis horas)
Cobre (4 mM)	Condiciones microaeróbicas	85% (estimado basado en la capacidad de resistencia)
Arsénico (15,23 mM)	Condiciones microaeróbicas	70% (estimado basado en la resistencia y supervivencia)
Decaclorobifenilo	Medio mínimo AOB con bifenilo y DCB (250 mg/L)	9,75%

Conclusiones

Pseudomonas extremaustralis es una bacteria de gran interés científico y biotecnológico debido a su impresionante adaptabilidad y resistencia a condiciones ambientales extremas. Su capacidad para prosperar en entornos tan diversos como los ecosistemas antárticos y las aguas residuales, y su habilidad para soportar bajas temperaturas y altas concentraciones de metales pesados, la destacan como un microorganismo altamente versátil. Estas características se deben en gran medida a su capacidad de adquirir genes a través de la transferencia horizontal, permitiéndole adaptarse a diversos estreses ambientales y participar activamente en procesos biogeoquímicos.

Además, *P. extremaustralis* posee un metabolismo extremadamente flexible, capaz de utilizar una amplia gama de sustratos y de realizar procesos como la desnitrificación

y la síntesis de polímeros de reserva. Esta versatilidad metabólica no solo facilita su supervivencia en diferentes hábitats, sino que también la convierte en un modelo ideal para estudiar la adaptación microbiana a condiciones adversas.

Su notable capacidad para degradar una variedad de compuestos tóxicos, incluidos hidrocarburos y metales pesados, la posiciona como una herramienta valiosa para la biorremediación de entornos contaminados. La formación de biopelículas mejora aún más su eficiencia en estos procesos, subrayando su potencial en aplicaciones industriales y ambientales. *Pseudomonas extremaustralis* amplía nuestro entendimiento sobre la adaptación microbiana y ofrece soluciones prácticas para la mitigación de la contaminación ambiental, destacando su relevancia tanto en la investigación básica como en aplicaciones prácticas.

Referencias

1. Brito MG. Producción de polihidroxicanoatos en *Pseudomonas extremaustralis*: análisis del metabolismo en distintas condiciones y su influencia en la adaptabilidad frente al estrés [Internet]. Buenos Aires (AR): Universidad de Buenos Aires; 2023 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: https://bibliotecadigital.exactas.uba.ar/download/tesis/tesis_n7426_Brito.pdf
2. López NI, Pettinari MJ, Stackebrandt E, Tribelli PM, Pötter M, Steinbüchel A, et al. *Pseudomonas extremaustralis* sp. nov., a Poly(3-hydroxybutyrate) Producer Isolated from an Antarctic Environment. *Curr Microbiol* [Internet]. 2009;59(5):514–9. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00284-009-9469-9>
3. Solar Venero EC, Matera G, Vogel J, López NI, Tribelli PM. Small RNAs in the Antarctic bacterium *Pseudomonas extremaustralis* responsive to oxygen availability and oxidative stress. *Environ Microbiol Rep* [Internet]. 2022 Aug;14(4):620–32 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35689330/>
4. Sawada H, Fujikawa T, Nishiwaki Y, Horita H. *Pseudomonas kitaguniensis* sp. nov., a pathogen causing bacterial rot of Welsh onion in Japan. *Int J Syst Evol Microbiol* [Internet]. 2020;70(5):3018–26. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1099/ijsem.0.004123>
5. Ballesteros Rojas Y. Identificación de factores asociados a promoción de crecimiento vegetal en *Bacillus subtilis* ATCC 6633 y *Pseudomonas extremaustralis* CMPUJ U515 en el modelo de frijón [Internet]. Bogotá D.C.: Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca; 2018 [citado 2025 abr 15]. 84 p. Disponible en: <https://repositorio.unicolmayor.edu.co/bitstream/handle/unicolmayor/3760/TRABAJO%20GRADO-YULI%20BALLESTEROS.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
6. Yiseth FM. Identificación in silico de la capacidad de degradación de glifosato por *Pseudomonas extremaustralis* [Internet]. [Bogotá, Colombia]: Universidad Antonio Nariño; 2023. Disponible en: <http://repositorio.uan.edu.co/handle/123456789/9019>
7. María TP. Influencia del regulador global Anr en la fisiología de *Pseudomonas extremaustralis*, una bacteria productora de polihidroxitirato [Internet]. [Buenos Aires, Argentina]: Universidad de Buenos Aires; 2012. Disponible en: https://bibliotecadigital.exactas.uba.ar/download/tesis/tesis_n5021_Tribelli.pdf
8. Tribelli PM, Solar Venero EC, Ricardi MM, Gómez-Lozano M, Raiger Iustman LJ, Molin S, et al. Novel essential role of ethanol oxidation genes at low temperature revealed by transcriptome analysis in the antarctic bacterium *Pseudomonas extremaustralis*. *PLoS One* [Internet]. 2015;10(12):e0145353. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0145353>
9. Tribelli PM, Rossi L, Ricardi MM, Gomez-Lozano M, Molin S, Raiger Iustman LJ, et al. Microaerophilic alkane degradation in *Pseudomonas extremaustralis*: a transcriptomic and physiological approach. *J Ind Microbiol Biotechnol* [Internet]. 2018 Apr;45(4):253–65 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29116430/>
10. Ayub ND, Pettinari MJ, Méndez BS, López NI. The polyhydroxyalkanoate genes of a stress resistant Antarctic *Pseudomonas* are situated within a genomic island. *Plasmid* [Internet]. 2007;58(3):240–8. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.plasmid.2007.05.003>
11. Verónica CM. Identificación y análisis de los genes asociados al metabolismo de polihidroxicanoatos en *Pseudomonas extremaustralis* [Internet]. [Buenos Aires, Argentina]: Universidad de Buenos Aires; 2013. Disponible en: https://bibliotecadigital.exactas.uba.ar/download/tesis/tesis_n5288_Catone.pdf
12. Hnatush S, Ivan Franko National University of Lviv, Lviv, 79005, Ukraine, Komplikevych S, Maslovska O, Moroz O, Peretyatko T, et al. Bacteria of the genus *Pseudomonas* isolated from Antarctic substrates. *Ukr Antarkt Zh/Ukr Antarkt J* [Internet]. 2021;(2):58–75. Disponible en: <http://uaj.uac.gov.ua/index.php/uaj/article/view/678>
13. Dickinson I, Goodall-Copestake W, Thorne M, Schlitt T, Ávila-Jiménez M, Pearce D. Extremophiles in an antarctic marine ecosystem. *Microorganisms* [Internet]. 2016;4(1):8. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2076-2607/4/1/8>

14. López MAG, Zenteno-Rojas A, Martínez-Romero E, Rincón-Molina CI, Vences-Guzmán MA, Ruíz-Valdiviezo VM, et al. Biodegradation and bioaccumulation of decachlorobiphenyl (DCB) by native strain *Pseudomonas extremaustralis* ADA-5. *Water Air Soil Pollut* [Internet]. 2021;232(5). Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s11270-021-05122-2>
15. Rodríguez Mirque Y. Estudio de la cepa de *Pseudomonas extremaustralis* CMPUJ U515 como promotora de crecimiento en plantas de tomate [Internet]. Bogotá (DC): Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca; 2019 [citado 2025 abr 15]. 65 p. Disponible en: <https://repositorio.unicolmayor.edu.co/handle/unicolmayor/267>
16. Thomassen GMB, Reiche T, Tennfjord CE, Mehli L. Antibiotic resistance properties among *Pseudomonas* spp. Associated with salmon processing environments. *Microorganisms* [Internet]. 2022; 10(7):1420. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2076-2607/10/7/1420>
17. Silby MW, Winstanley C, Godfrey SAC, Levy SB, Jackson RW. *Pseudomonas* genomes: diverse and adaptable. *FEMS Microbiol Rev* [Internet]. 2011;35(4):652–80. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1111/j.1574-6976.2011.00269.x>
18. Perelomov L, Rajput VD, Gertsen M, Sizova O, Perelomova I, Kozmenko S, et al. Ecological features of trace elements tolerant microbes isolated from sewage sludge of urban wastewater treatment plant. *Stress Biol* [Internet]. 2024. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38273092/>
19. Colonnella MA, Lizarraga L, Rossi L, Díaz Peña R, Egoburo D, López NI, et al. Effect of copper on diesel degradation in *Pseudomonas extremaustralis*. *Extremophiles* [Internet]. 2019 Jan;23(1):65–75 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30328541/>
20. Giambartolomei L. Análisis de estrategias involucradas con la adaptabilidad al frío y microaerobiosis en *Pseudomonas extremaustralis* [Internet]. [Buenos Aires, Argentina]: Universidad de Buenos Aires; 2023. Disponible en: https://bibliotecadigital.exactas.uba.ar/download/seminario/seminario_nBIO001646_Giambartolomei.pdf
21. Farkas R, Toumi M, Abbaszade G, Bóka K, Takáts K, Tóth E. The acute impact of arsenic as (III) on the prokaryotic community composition and selected bacterial strains based on microcosm experiments. *Geomicrobiol J* [Internet]. 2023;40(5):413–26. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1080/01490451.2023.2181469>
22. Venero ECS. Mecanismos de adaptabilidad a microaerobiosis y estrés oxidativo en *Pseudomonas extremaustralis* [Internet]. [Buenos Aires, Argentina]: UNIVERSIDAD DE BUENOS AIRES; 2020. Disponible en: https://bibliotecadigital.exactas.uba.ar/download/tesis/tesis_n7438_SolarVenero.pdf
23. Finore I, Vigneron A, Vincent WF, Leone L, Di Donato P, Schiano Moriello A, et al. Novel psychrophiles and exopolymers from permafrost thaw lake sediments. *Microorganisms* [Internet]. 2020;8(9):1282. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2076-2607/8/9/1282>
24. Sawada H, Fujikawa T, Osada S, Satou M. *Pseudomonas cyclaminis* sp. nov., a pathogen causing bacterial bud blight of cyclamen in Japan. *Int J Syst Evol Microbiol* [Internet]. 2019;71(3). Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1099/ijsem.0.004723>
25. Sawada H, Fujikawa T, Osada S, Satou M. *Pseudomonas petroselinii* sp. nov., a pathogen causing bacterial rot of parsley in Japan. *Int J Syst Evol Microbiol* [Internet]. 2022;72(6). Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1099/ijsem.0.005424>
26. Vargas-Ordóñez A, Aguilar-Romero I, Villaverde J, Madrid F, Morillo E. Isolation of novel bacterial strains *Pseudomonas extremaustralis* CSW01 and *Stutzerimonas stutzeri* CSW02 from sewage sludge for paracetamol biodegradation. *Microorganisms* [Internet]. 2023 Jan;11(1):202 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/36677487/>
27. López G, Diaz-Cárdenas C, Shapiro N, Woyke T, Kyrpides NC, David Alzate J, et al. Draft genome sequence of *Pseudomonas extremaustralis* strain USBA-GBX 515 isolated from Superparamo soil samples in Colombian Andes. *Stand Genomic Sci* [Internet]. 2017; 12:80 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29255573/>

28. Raiger Iustman LJ, Tribelli PM, Ibarra JG, Catone MV, Solar Venero EC, López NI. Genome sequence analysis of *Pseudomonas extremaustralis* provides new insights into environmental adaptability and extreme conditions resistance. *Extremophiles* [Internet]. 2015 Jan;19(1):207–20 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25316211/>
29. Tribelli PM, Méndez BS, López NI. Oxygen-sensitive global regulator, *anr*, is involved in the biosynthesis of poly(3-hydroxybutyrate) in *Pseudomonas extremaustralis*. *Microb Physiol* [Internet]. 2010;19(4):180–8. Disponible en: <https://karger.com/mmb/article-abstract/19/4/180/197135/Oxygen-Sensitive-Global-Regulator-Anr-Is-Involved?redirectedFrom=fulltext>
30. Tribelli PM, Nickel PI, Oppezzo OJ, López NI. *Anr*, the anaerobic global regulator, modulates the redox state and oxidative stress resistance in *Pseudomonas extremaustralis*. *Microbiology* [Internet]. 2013;159(Pt_2):259–68. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1099/mic.0.061085-0>
31. Solar Venero EC, Ricardi MM, Gomez-Lozano M, Molin S, Tribelli PM, López NI. Oxidative stress under low oxygen conditions triggers hyperflagellation and motility in the Antarctic bacterium *Pseudomonas extremaustralis*. *Extremophiles* [Internet]. 2019;23(5):587–97. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00792-019-01110-x>
32. Ramzi AB, Matthew Minggu M, Ruslan US, Mohamad Hazwan FK, Mohamed Abdul P. Expression of Furfural Reductase Improved Furfural Tolerance in Antarctic Bacterium *Pseudomonas extremaustralis*. *Sains Malays* [Internet]. 2022;51(10):3163–70. Disponible en: http://www.ukm.my/jsm/pdf_files/SM-PDF-51-10-2022/4.pdf
33. Nikovaev YA, Borzenkov IA, Demkina EV, Loiko NG, Kanapatskii TA, Perminova IV, et al. New biocomposite materials based on hydrocarbon-oxidizing microorganisms and their potential for oil products degradation. *Microbiology* [Internet]. 2021;90(6):731–42. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1134/s0026261721060114>
34. Ayub ND, Pettinari MJ, Ruiz JA, López NI. A polyhydroxybutyrate-producing *Pseudomonas* sp. isolated from Antarctic environments with high stress resistance. *Curr Microbiol* [Internet]. 2004 Sep;49(3):170–4 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00284-004-4254-2>
35. Tribelli PM, López NI. Poly(3-hydroxybutyrate) influences biofilm formation and motility in the novel Antarctic species *Pseudomonas extremaustralis* under cold conditions. *Extremophiles* [Internet]. 2011;15(5):541–7. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00792-011-0384-1>
36. Salwoom L, Raja Abd Rahman R, Salleh A, Mohd Shariff F, Convey P, Pearce D, et al. Isolation, characterisation, and lipase production of a cold-adapted bacterial strain *Pseudomonas* sp. LSK25 isolated from Signy Island, Antarctica. *Molecules* [Internet]. 2019 Feb;24(4):715 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: <https://www.mdpi.com/1420-3049/24/4/715>
37. Ayub ND, Tribelli PM, López NI. Polyhydroxyalkanoates are essential for maintenance of redox state in the Antarctic bacterium *Pseudomonas* sp. 14-3 during low temperature adaptation. *Extremophiles* [Internet]. 2009;13(1):59–66. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00792-008-0197-z>
38. Catone MV, Ruiz JA, Castellanos M, Segura D, Espin G, López NI. High polyhydroxybutyrate production in *Pseudomonas extremaustralis* is associated with differential expression of horizontally acquired and core genome polyhydroxyalkanoate synthase genes. *PLoS One* [Internet]. 2014;9(6):e98873. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0098873>
39. Tribelli PM, Raiger Iustman LJ, Catone MV, Di Martino C, Revale S, Méndez BS, et al. Genome sequence of the polyhydroxybutyrate producer *Pseudomonas extremaustralis*, a highly stress-resistant Antarctic bacterium. *J Bacteriol* [Internet]. 2012;194(9):2381–2. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1128/JB.00172-12>
40. Song Q, Deng X, Song R, Song X. Plant growth-promoting rhizobacteria promote growth of seedlings, regulate soil microbial community, and alleviate damping-off disease caused by *Rhizoctonia solani* on *Pinus sylvestris* var. *mongolica*. *Plant Dis* [Internet]. 2022;106(10):2730–40. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1094/pdis-11-21-2562-re>
41. Jiao H, Wang R, Qin W, Yang J. Screening of rhizosphere nitrogen fixing, phosphorus and potassium solubilizing bacteria of *Malus sieversii* (Ldb.) Roem. and the effect on apple growth. *J Plant Physiol* [Internet]. 2024;292(154142):154142. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.jplph.2023.154142>

42. Vetrova AA, Trofimov SY, Kinzhaev RR, Avetov NA, Arzamazova AV, Puntus IF, et al. Development of microbial consortium for bioremediation of oil-contaminated soils in the middle ob region. *Eurasian Soil Sci* [Internet]. 2022;55(5):651–62. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1134/s1064229322050106>
43. Kim J, Fuller ME, Hatzinger PB, Chu K-H. Draft genomes of three nitroguanidine-degrading bacteria: *Pseudomonas extremaustralis* NQ5, *Arthrobacter* strain NQ4, and *Arthrobacter* strain NQ7. *Microbiol Resour Announc* [Internet]. 2023 Jul;12(7):e00253-23 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/37477431/>
44. Tribelli PM, Pezzoni M, Brito MG, Montesinos NV, Costa CS, López NI. Response to lethal UVA radiation in the Antarctic bacterium *Pseudomonas extremaustralis*: polyhydroxybutyrate and cold adaptation as protective factors. *Extremophiles* [Internet]. 2020;24(2):265–75. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00792-019-01152-1>
45. Tribelli PM, Hay AG, López NI. The global anaerobic regulator *anr*, is involved in cell attachment and aggregation influencing the first stages of biofilm development in *Pseudomonas extremaustralis*. *PLoS One* [Internet]. 2013;8(10):e76685. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0076685>
46. Chauhan M, Kimothi A, Sharma A, Pandey A. Cold adapted *Pseudomonas*: ecology to biotechnology. *Front Microbiol* [Internet]. 2023;14:1218708. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.3389/fmicb.2023.1218708>
47. Tribelli PM, Di Martino C, López NI, Raiger Iustman LJ. Biofilm lifestyle enhances diesel bioremediation and biosurfactant production in the Antarctic polyhydroxyalkanoate producer *Pseudomonas extremaustralis*. *Biodegradation* [Internet]. 2012;23(5):645–51. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s10532-012-9540-2>
48. Hu Y-Q, Zeng Y-X, Du Y, Zhao W, Li H-R, Han W, et al. Comparative genomic analysis of two Arctic *Pseudomonas* strains reveals insights into the aerobic denitrification in cold environments. *BMC Genomics* [Internet]. 2023;24(1). Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1186/s12864-023-09638-1>
49. Benforte FC, Colonnella MA, Ricardi MM, Solar Venero EC, Lizarraga L, López NI, et al. Novel role of the LPS core glycosyltransferase WapH for cold adaptation in the Antarctic bacterium *Pseudomonas extremaustralis*. *PLoS One* [Internet]. 2018;13(2):e0192559. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0192559>
50. Youard ZA, Mislin GLA, Majcherczyk PA, Schalk IJ, Reimann C. *Pseudomonas fluorescens* CHA0 Produces Enantio-pyochelin, the Optical Antipode of the *Pseudomonas aeruginosa* Siderophore Pyochelin. *J Biol Chem* [Internet]. 2007;282(49):35546–53. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17938167/>
51. Kim J, Fuller ME, Hatzinger PB, Chu K-H. Isolation and characterization of nitroguanidine-degrading microorganisms. *Sci Total Environ* [Internet]. 2024;912(169184):169184. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.169184>
52. Ji B, Zhang X, Zhang S, Song H, Kong Z. Insights into the bacterial species and communities of a full-scale anaerobic/anoxic/oxic wastewater treatment plant by using third-generation sequencing. *J Biosci Bioeng* [Internet]. 2019;128(6):744–50. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.jbiosc.2019.06.007>
53. Vásquez-Ponce F, Higuera-Llantén S, Pavlov MS, Marshall SH, Olivares-Pacheco J. Phylogenetic MLSA and phenotypic analysis identification of three probable novel *Pseudomonas* species isolated on King George Island, South Shetland, Antarctica. *Braz J Microbiol* [Internet]. 2018;49(4):695–702. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.bjm.2018.02.005>
54. Nie M, Wu C, Tang Y, Shi G, Wang X, Hu C, et al. Selenium and *Bacillus proteolyticus* SES synergistically enhanced ryegrass to remediate Cu–Cd–Cr contaminated soil. *Environ Pollut* [Internet]. 2023;323(121272):121272. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1016/j.envpol.2023.121272>
55. Gómez-Lozano M, Marvig RL, Molina-Santiago C, Tribelli PM, Ramos J-L, Molin S. Diversity of small RNAs expressed in *Pseudomonas* species. *Environ Microbiol Rep* [Internet]. 2015;7(2):227–36. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1111/1758-2229.12233>

56. Nikolaev Y, Borzenkov I, Demkina E, Loiko N, Kanapatsky T, Perminova I, et al. Immobilization of cells of hydrocarbon-oxidizing bacteria for petroleum bioremediation using new materials. *Int J Environ Res* [Internet]. 2021;15(6):971–84. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s41742-021-00367-5>
57. Vieto S, Rojas-Gätjens D, Jiménez JI, Chavarría M. The potential of *Pseudomonas* for bioremediation of oxyanions. *Environ Microbiol Rep* [Internet]. 2021;13(6):773–89. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1111/1758-2229.12999>
58. Medić AB, Karadžić IM. *Pseudomonas* in environmental bioremediation of hydrocarbons and phenolic compounds—key catabolic degradation enzymes and new analytical platforms for comprehensive investigation. *World J Microbiol Biotechnol* [Internet]. 2022;38(10). Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s11274-022-03349-7>
59. Rache-Arce DC, Machacado-Salas M, Rosero-García D. Hydrocarbon-degrading bacteria in Colombia: systematic review. *Biodegradation* [Internet]. 2022;33(2):99–116. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s10532-022-09976-z>
60. Lorenzo V. Environmental Galenics: large-scale fortification of extant microbiomes with engineered bioremediation agents. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* [Internet]. 2022 Jan;377(1857):20210395 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1098/rstb.2021.0395>
61. Hassen W, Cherif H, Werhani R, Raddadi N, Neifar M, Hassen A, et al. Exhaustion of pentachlorophenol in soil microcosms with three *Pseudomonas* species as detoxification agents. *Arch Microbiol* [Internet]. 2021;203(7):4641–51. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1007/s00203-021-02451-y>
62. Ghorbannezhad H, Moghimi H, Dastgheib SMM. Biodegradation of high molecular weight hydrocarbons under saline condition by halotolerant *Bacillus subtilis* and its mixed cultures with *Pseudomonas* species. *Sci Rep* [Internet]. 2022;12(1). Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1038/s41598-022-17001-9>
63. DiMartino C. Estudio de bacterias del género *Pseudomonas* en la degradación de hidrocarburos y síntesis de biosurfactantes: análisis del efecto de los polihidroxialcanoatos [Tesis doctoral en Internet]. Buenos Aires (AR): Universidad de Buenos Aires, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales; 2015 [citado 2025 abr 15]. Disponible en: <http://digital.bl.fcen.uba.ar>
64. Venero ECS, Giambartolomei L, Sosa E, Fernández do Porto D, López NI, Tribelli PM. Nitrosative stress under microaerobic conditions triggers inositol metabolism in *Pseudomonas extremaustralis*. *PLoS One* [Internet]. 2024;19(5):e0301252. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0301252>

© 2025 – María Fernanda Bejarano Carrasquilla, Laura Camila Urrego Caro, Sandra Mónica Estupiñán Torres



Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Attribution (CC BY). Se permite el uso, distribución o reproducción en otros foros, siempre que se acredite al autor original y al propietario del copyright y se cite la publicación original en esta revista, de acuerdo con la práctica académica aceptada. No se permite ningún uso, distribución o reproducción que no cumpla con estos términos.