



Universidad **César Vallejo**

FACULTAD DE INGENIERÍA Y ARQUITECTURA
ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA AMBIENTAL

**Biorremediación Mediante Microorganismos Modificados
Genéticamente para la Degradación de Contaminantes Ambientales:
Revisión sistemática**

TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL DE:
Ingeniero Ambiental

AUTOR:

Chavez Troibas, Jhon Gabriel (ORCID: 0000-0003-2459-1784)

ASESOR:

Dr. Lozano Sulca, Yimi Tom (ORCID: 0000-0002-0803-1261)

LÍNEA DE INVESTIGACIÓN:

Tratamiento y Gestión de los Residuos

LIMA – PERÚ

2022

DEDICATORIA

El presente trabajo de tesis va dedicado para mi señor padre y mi señora madre por haberme guiado en mi vida y guiado para completar mi formación profesional. A mis hermanos; por haberme estado siempre apoyándome en todo momento para poder superar las dificultades que presentaba mi carrera profesional.

AGRADECIMIENTOS

A mi madre querida por haberme dado ese amor puro y sincero. A mi padre querido que supo cuidarme desde el cielo. A mis hermanos que siempre estuvieron apoyándome en todo momento. A mi abuelita querida por todo su amor. A mi asesor, por toda la paciencia y asesoramiento basada en su conocimiento y experiencia durante el proceso del desarrollo de la tesis. A la Universidad Cesar Vallejo por permitirme dar este importante paso para mi formación profesional.

Índice de contenidos

Carátula	i
Dedicatoria.....	ii
Agradecimiento	iii
Índice de contenidos.....	iv
Índice de tablas.....	v
Índice de figuras.....	vi
Índice de gráficos.....	vii
Índice de abreviaturas.....	vii
Resumen	viii
Abstract.....	ix
I. INTRODUCCIÓN	1
II. MARCO TEÓRICO	4
III. METODOLOGÍA	17
3.1. Tipo y diseño de investigación	17
3.2. Categoría, subcategoría y matriz de categorización.....	18
3.3. Escenario de estudio	18
3.4. Participantes	18
3.5. Técnicas e instrumentos de recolección de datos	18
3.6. Procedimiento	19
3.7. Rigor científico	20
3.8. Método de análisis de información	20
3.9. Aspectos éticos.....	21
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	22
V. CONCLUSIONES	31
VI. RECOMENDACIONES.....	32
REFERENCIAS	
ANEXOS	

Índice de tablas

<i>Tabla 1. Tipos de organismos y microorganismos modificados genéticamente</i>	22
<i>Tabla 2. Expresión genética modificada de microorganismos</i>	24
<i>Tabla 3. Función de los microorganismos modificados genéticamente</i>	27

Índice de figuras

<i>Figura 1. Contaminación por productos químicos</i> -----	5
<i>Figura 2. Destino de los plaguicidas en el suelo</i> -----	8
<i>Figura 3. Contaminación del aire</i> -----	10
<i>Figura 4. Tipo de microorganismos</i> -----	12

Índice de gráficos

<i>Gráfico 1. Tratamientos de agua contaminadas</i> -----	6
<i>Gráfico 2. Contaminantes gaseosos</i> -----	7
<i>Gráfico 3. Procedimientos de selección de artículos al estudio</i> -----	19

Índice de abreviaturas

GEI	: gases de efecto invernadero
AEE	: equipos eléctricos y electrónicos
COV	: compuestos orgánicos volátiles
PAHs	: hidrocarburos poliaromáticos
POPs	: contaminantes orgánicos persistentes

Resumen

El objetivo del presente estudio es determinar cuáles son los aspectos relevantes de la biorremediación mediante microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales; para lo cual se siguió una metodología de tipo aplicada con un diseño sistemático; donde mediante el uso del análisis documental se lograron seleccionar 26 artículos científicos al estudio.

Mediante los resultados se obtuvo que, los tipos de microorganismos modificados genéticamente son las bacterias, hongos y algas; siendo entre los más aplicados las cepas bacterianas; además las cepas bacterianas son las que presentan mayor modificación genéticamente para la degradación en su mayoría de iones metálicos, seguido de contaminantes orgánicos. La expresión genética modificada de microorganismos es mediante la incorporación de un gen, utilizando vectores como fago, plásmido o virus en el que se incorpora el gen de interés y, por lo tanto, se puede expresar en un huésped apropiado de elección. La función de los microorganismos modificados genéticamente es la de degradar iones metálicos, colorantes, xenobióticos orgánicos, contaminantes orgánicos, contaminación por petróleo, compuestos radiactivos y plaguicidas. Siendo que los iones metálicos y los xenobióticos orgánicos son unos de los grupos de contaminantes más presentes a la hora de aplicar los microorganismos modificados genéticamente.

Palabras clave: bacterias, microorganismos, genética, contaminantes modificación

Abstract

The objective of this study is to determine which are the relevant aspects of bioremediation using genetically modified microorganisms for the degradation of environmental pollutants; for which an applied methodology with a systematic design was followed; where through the use of documentary analysis, 26 scientific articles were selected for the study.

The results showed that the types of genetically modified microorganisms are bacteria, fungi and algae; being among the most applied the bacterial strains; in addition, bacterial strains are the ones that present greater genetic modification for the degradation mostly of metallic ions, followed by organic pollutants. The modified genetic expression of microorganisms is through the incorporation of a gene, using vectors such as phage, plasmid or virus in which the gene of interest is incorporated and, therefore, can be expressed in an appropriate host of choice. The function of genetically modified microorganisms is to degrade metal ions, dyes, organic xenobiotics, organic pollutants, petroleum contamination, radioactive compounds and pesticides. Being that metal ions and organic xenobiotics are some of the most present groups of contaminants when applying genetically modified microorganisms.

Keywords: bacteria, microorganisms, genetics, contaminants, modification.

I. INTRODUCCIÓN

El agua y el suelo son componentes importantes de un ecosistema y su protección es un reto mundial; pero, debido a diversas actividades naturales y antropogénicas, diferentes sustancias no deseadas entran en estos componentes abióticos del ecosistema y conducen a la "contaminación" (Rushdi A. et al., 2016, p.1).

El aumento de la población, la industrialización y la urbanización son las principales razones de la contaminación (Doménech C. et al., 2017, p.1). Estos contaminantes contienen compuestos complejos tóxicos, que causan graves daños al medio ambiente (Samaksaman U. et al., 2016, p.2).

Además, los suelos contaminados con sustancias químicas peligrosas como hidrocarburos de petróleo, disolventes clorados, pesticidas, herbicidas y metales pesados suponen una amenaza para el medio ambiente y pueden ser un problema de salud pública (Tidwell T., 2016, p.1).

Ante ello, es debido mencionar que a nivel mundial los suelos han sido detectados con coexistencia de altos niveles de hidrocarburos de petróleo (aceites pesados y ligeros, por ejemplo, petróleo crudo, lubricantes, fuel, gasóleo y gasolina) y metales pesados (arsénico (As), cadmio (Cd), cromo (Cr), cobre (Cu), mercurio (Hg), níquel (Ni), plomo (Pb) y zinc (Zn)) (Khan J. et al., 2022, p.4). Estos suelos contaminados se encuentran en zonas afectadas por derrames y fugas accidentales de gasolineras y tanques de almacenamiento, residuos de refinerías, zonas industrializadas, antiguas estaciones de tren y ferrocarriles, antiguos vertederos y emplazamientos mineros (Rao M. et al., 2017, p.2).

Pero también, los mayores desafíos que enfrenta nuestra nación y, de hecho, el mundo, es el agua, siendo este el recurso natural más importante, ya que, es esencial para sostener a las personas, la agricultura, la industria y los ecosistemas (Eslahi Aida V. et al., 2022, p.3). Pero la escasez de agua afecta aproximadamente a entre 1 y 2 mil millones de personas en todo el mundo (Clemens M. et al., 2020, p.2). Hasta un 25 % del uso mundial de agua dulce supera los suministros sostenibles, y la calidad del agua mundial se está deteriorando (Machiwal D. et al., 2018, p.2).

Así, para 2025, el 40 % de la población mundial podría estar viviendo en regiones con escasez de agua, especialmente a medida que cambia el clima (Lavrnic S. et al.,

2017, p.2). Ante este problema se ha obligado a los habitantes de la mayor parte del mundo a utilizar las aguas residuales como una solución viable, sin embargo, la reutilización de las aguas residuales tiene algunos efectos nocivos para la salud humana y medioambiental (Van vliet M. et al., 2021, p.3).

Ante todo, lo mencionado se requiere de métodos para remediar las sustancias tóxicas del medio ambiente. Aunque se han desarrollado varias tecnologías de remediación la biorremediación es un enfoque amigable y sostenible y las técnicas de remediación más nuevas puede ser una de las formas de mejorar la calidad de la biorremediación (Wang Q. et al., 2022, p.2).

Ante lo expuesto, recientemente, los microorganismos modificados genéticamente (GMM) destacados para la eliminación de metales pesados tóxicos se consideran una técnica económicamente plausible y ambientalmente segura (Sharma P. et al., 2021, p.2). Donde los GMM son microorganismos cuyo material genético ha sido modificado utilizando técnicas de ingeniería genética que exhiben una mayor eficiencia de eliminación en comparación con otras metodologías de tratamiento (Saravanan A. et al., 2022, p.1).

Ante lo expuesto el presente trabajo plantea la siguiente pregunta: ¿Cuáles son los aspectos relevantes de la biorremediación mediante organismos y microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales?

Así mismo, se elaboraron los siguientes problemas específicos:

PE1: ¿Cuáles son los tipos de microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales?

PE2: ¿Cuál es la expresión genética modificada de los microorganismos empleados para la degradación de contaminantes ambientales?

PE3: ¿Cuál es la función de los microorganismos modificados genéticamente en la degradación de contaminantes ambientales?

Ante ello, el objetivo de estudio es: Determinar cuáles son los aspectos relevantes de la biorremediación mediante organismos y microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales.

Mientras que los objetivos específicos planteados son:

OE1: Clasificar los tipos de microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales

OE2: Identificar la expresión genética modificada de los microorganismos empleados para la degradación de contaminantes ambientales

OE3: Determinar la función de los microorganismos modificados genéticamente en la degradación de contaminantes ambientales

Este trabajo busca recolectar estudios científicos a nivel nacional e internacional sobre la biorremediación mediante organismos y microorganismos modificados genéticamente, encontrándonos enfocados en la problemática de la contaminación ambiental por diversos contaminantes tóxicos; por lo cual este estudio presenta una justificación teórica. Teniendo como finalidad expandir conocimientos en la ingeniería genética para producir dichos organismos para el bienestar del medio ambiente y, finalmente, la salud pública; siendo dirigido este trabajo a los ingenieros encargados y futuros investigadores interesados en el tema.

II. MARCO TEÓRICO

La contaminación ambiental no es un fenómeno nuevo, pero sigue siendo el mayor problema mundial que enfrenta la humanidad y la principal causa ambiental de morbilidad y mortalidad (Wasewar L. et al., 2021, p.1).

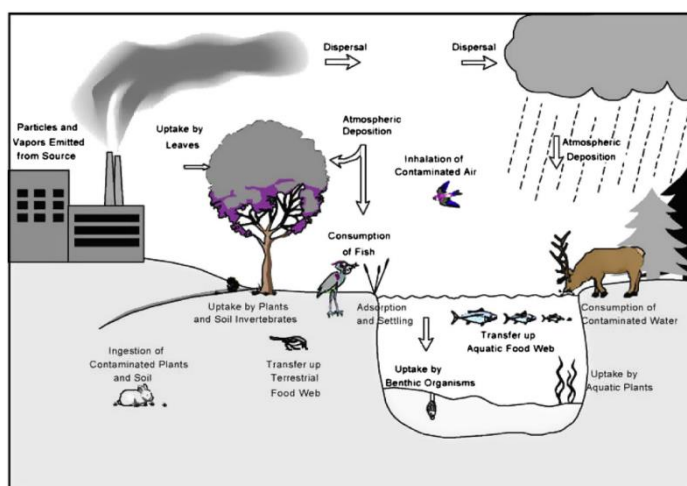
La contaminación del aire ambiental contribuye con aproximadamente 3,7 millones de muertes prematuras al año en todo el mundo y la contaminación del aire por el transporte terrestre representa una amenaza significativa en las áreas urbanas (Khomenko S. et al., 2021, p.1). Alrededor del 90 % de los ciudadanos europeos están expuestos a contaminantes en concentraciones superiores a los niveles de calidad del aire que se consideran nocivos para la salud (Rodríguez A. et al., 2021, p.1). En las últimas décadas algunas emisiones han disminuido en los países europeos, las concentraciones de contaminantes atmosféricos aún superan los umbrales de valor objetivo de la UE (Viana M. et al., 2020, p.1).

Por otro lado, en el Perú, existe una comprensión limitada de los impactos de las emisiones del transporte terrestre en la contaminación del aire y la salud de la población en la LMA (Área Metropolitana de Lima) (Romero Y. et al., 2020, p.2). El uso del transporte terrestre, las emisiones de los vehículos y las condiciones meteorológicas son factores clave de los procesos de dispersión de la contaminación atmosférica (Fandiño-Del-Rio M. et al., 2020, p.1). De igual manera, el Perú es el sexto país con más emisiones de gases de efecto invernadero (GEI) en ALC y el 46º mayor emisor de GEI a nivel mundial (Loaiza I. et al., 2022, p.1).

Casi todas las actividades humanas que provocan la degradación o depreciación de la calidad del medio ambiente natural se considera contaminación (Vabre P. et al., 2017, p.5). En 2015 se predijo que la mala salud causada por la contaminación fue la causa de 9 millones de muertes prematuras, lo que supone más de tres veces el número de muertes por malaria, sida y tuberculosis junta (Suzuki T. et al., 2020, p.1). En general, la contaminación ambiental es mayor en los países de ingresos medios y bajos que en los países desarrollados, posiblemente debido a la pobreza, la escasa legislación y el desconocimiento de formas de contaminación (Manisalidis L. et al., 2020, p.14).

Es probable que los seres humanos se enfrenten a la contaminación a diario sin saberlo o que posiblemente nos hayamos vuelto inmunes a ella en nuestra acelerada vida (Patel H. et al., 2022, p.1). En los países de ingresos medios y bajos, ciertas actividades humanas que han demostrado ser nocivas para el medio ambiente siguen practicándose de una legislación deficiente, la escasa aplicación de las sanciones o la indiferencia ante el impacto de estas actividades en la salud (Ukaogo P. et al., 2020, p.419). La figura N°1 muestra la distribución de sustancias químicas dentro un ecosistema.

Figura N°1. Contaminación por productos químicos



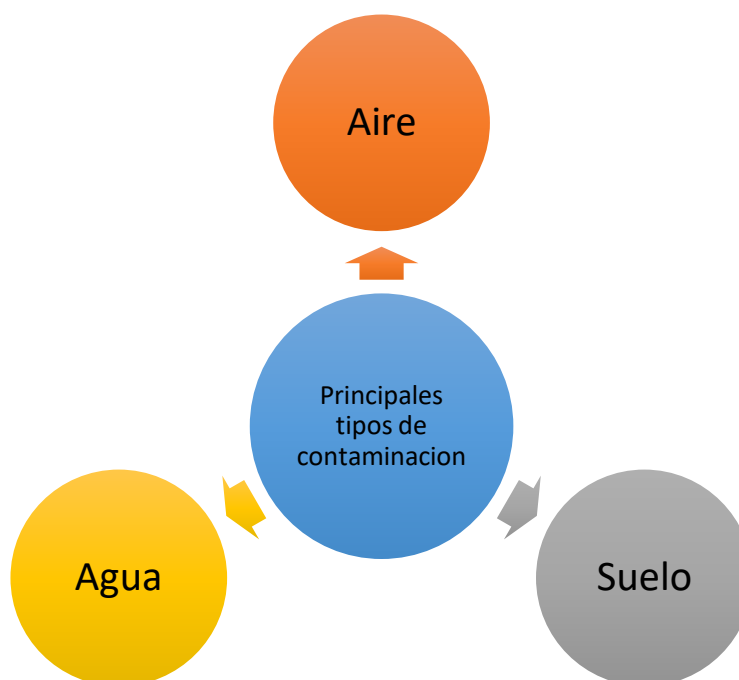
Fuente: Schweitzer L. et al., 2018

Los efectos de la contaminación ambiental, especialmente la atmosférica, es alarmante, y su impacto es desproporcionadamente frecuente en los países en vías de desarrollo entre las personas con bajos ingresos, los niños, los ancianos y otros grupos vulnerables (Yadav P. et al., 2022, p.272).

Adicionalmente, las causas de la contaminación ambiental no se limitan a la industrialización, la urbanización, el crecimiento demográfico, la exploración y la minería, sino también el movimiento transfronterizo de contaminantes de los países desarrollados a los países en desarrollo o viceversa (Pandey V. et al., 2019, p.502). La contaminación transfronteriza es parte de la razón por la que la contaminación sigue siendo un reto mundial (Shackira A. et al., 2021, p.273). A través de diferentes vías, principalmente el aire y el agua, la contaminación que surge en un país puede encontrarse causando estragos en otro, por lo que ningún país puede permitirse ser indiferente a la contaminación (Jan S. et al., 2016, p.1).

Además, el movimiento transfronterizo de equipos eléctricos y electrónicos (AEE) no funcionales desde los países desarrollados a los países en desarrollo con el pretexto de reducir la brecha digital es una causa grave de contaminación del aire, el agua y el suelo por metales tóxicos (Zheng J. et al., 2016, p.314).

Gráfico N°1. Tratamientos de agua contaminadas



Elaboración propia

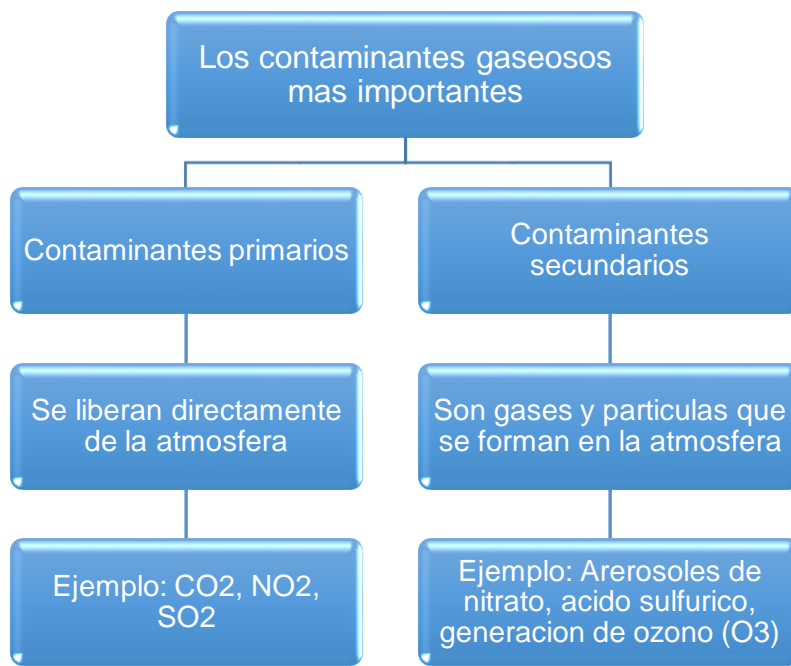
Como se puede visualizar en el gráfico N°1 se presentan los principales tipos de contaminación, los cuales serán descritos a continuación:

Un tipo de contaminación es el ambiental, puede definirse como la aparición de compuestos químicos en el aire atmosférico que son tóxicos y están presentes en concentraciones que pueden ser perjudiciales para los animales, la vegetación, los edificios y los seres humanos (Stanek L. et al., 2019, p.1). En términos generales, la contaminación del aire sugiere la presencia de compuestos químicos en el aire, que no están presentes originalmente pero que han provocado la disminución de la calidad del aire (Puzzolo E. et al., 2017, p.1).

También, la contaminación del aire también provoca cambios adversos en la calidad de vida en la Tierra a través del calentamiento global y el agotamiento de la capa de ozono (Aymeric G. et al., 2017, p.1). Dependiendo de la fuente, la forma y

las condiciones en que se generan los contaminantes, éstos tienen diferentes características, lo que hace que su distribución y efectos sean diversos (Kaushik K. et al., 2022, p.303).

Grafico N°2: Contaminantes gaseosos



Elaboración propia

Otro tipo de contaminación es del agua, el cual procede tanto de fuentes artificiales como naturales (Shendell D. et al., 2019, p.1). Las aguas subterráneas pueden poseer minerales naturales ricos en metales tóxicos, que se filtran a las masas de agua y provocan la contaminación (Sayeed M. et al., 2021, p.1). Los casos de alta contaminación por arsénico y plomo de las fuentes de agua subterránea están relacionados con dichos minerales (Buyuktiryaki S. et al., 2019, p.267).

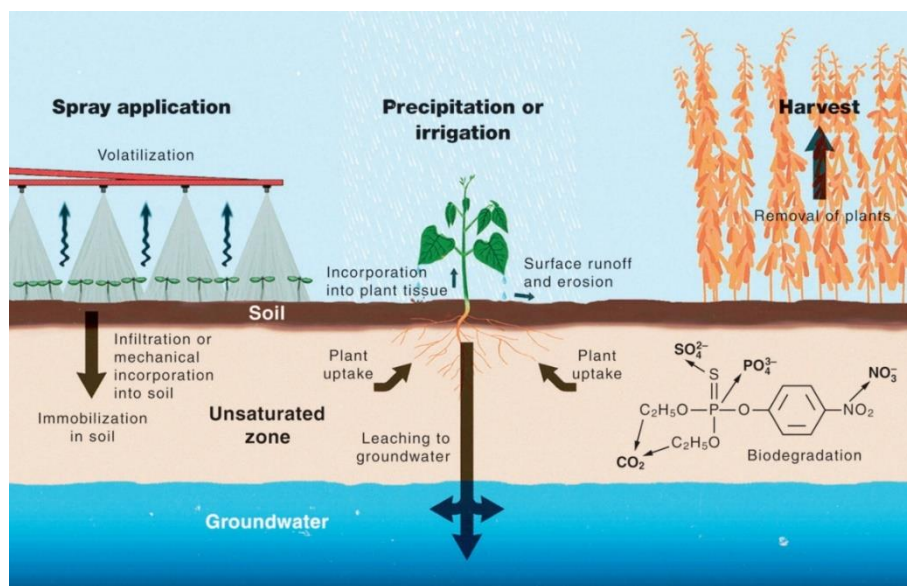
Además, las formaciones geológicas de las distintas zonas contribuyen en gran medida a la composición elemental de las masas de agua y, por tanto, podrían ser el origen de la contaminación (Chowdhary P. et al., 2018, p.229). Esto como tal podría ser la razón de las elevadas concentraciones de los elementos que causan la contaminación del agua (Klepac P. et al., 2018, p.1).

Las fuentes antropogénicas incluyen la contaminación debida a los residuos domésticos, los insecticidas y herbicidas, los residuos de la elaboración de alimentos,

los contaminantes de las explotaciones ganaderas de la ganadería, los COV (Chae Y. et al., 2018, p.1). También, los metales pesados procedentes de los residuos electrónicos, los residuos químicos y los residuos médicos (Jung S. et al., 2018, p.198). Después de que se aplica un pesticida a un campo, puede cumplir con una variedad de destinos, como se muestra en la Figura N°2.

Por último, la contaminación del suelo, aparte de los terremotos, la erosión y otros desastres naturales que tienden a dañar el suelo las principales fuentes de contaminación del suelo son los residuos industriales y domésticos (Zheng Y. et al., 2016, p.10). Algunos contaminantes del suelo son los metales pesados, los hidrocarburos y los disolventes inorgánicos y orgánicos (Walekar L. et al., 2017, p.1). El vertido de residuos en terrenos abiertos, la quema de residuos y los vertederos inadecuados son los principales responsables de la contaminación del suelo (D'Inverno G. et al., 2018, p.24).

Figura N°2. Destino de los plaguicidas en el suelo



Fuente: Artiola J. et al., 2019

Los combustibles fósiles de las plantas petroquímicas, las refinerías de petróleo y las centrales eléctricas también contribuyen a la contaminación del suelo (Garcia E. et al., 2017, p.13). La exploración, el refinado y la distribución del petróleo mediante transporte por carretera suelen provocar la contaminación del suelo (Cebe K. et al., 2018, p.24). De igual manera, la contaminación del suelo por plásticos está empezando a recibir atención mundial debido, en parte, a la naturaleza tóxica de los

aditivos utilizados en su producción y a los efectos directos de los plásticos sobre las plantas y los animales (Acosta C. et al., 2018, p.1).

Por improbable que parezca, el desconocimiento de las formas de contaminación hace que los seres humanos realizan actividades que producen subproductos nocivos en formas y cantidades que el medio ambiente ya no puede contrarrestar sin que se deforme totalmente su sistema (Gruba P. et al., 2019, p.141).

Por ejemplo, la deforestación, la quema de arbustos, el vertido de desechos agrícolas y domésticos en las masas de agua, el uso de residuos agrícolas y domésticos en las masas de agua (Khan A. et al., 2019, p.1). También, el uso de productos químicos en la recolección de animales acuáticos y la eliminación inadecuada de residuos electrónicos, contribuyen a la contaminación del aire, la tierra y el agua (Rajalakshmi A. et al., 2017, p.373). Las repercusiones no sólo afectan a los seres humanos, sino también en otros animales acuáticos y terrestres, incluidos los microorganismos, que debido a su abundancia y diversidad tienden a mantener su función biogeoquímica necesaria para sostener el ecosistema (Yang. J. et al., 2018, p.1).

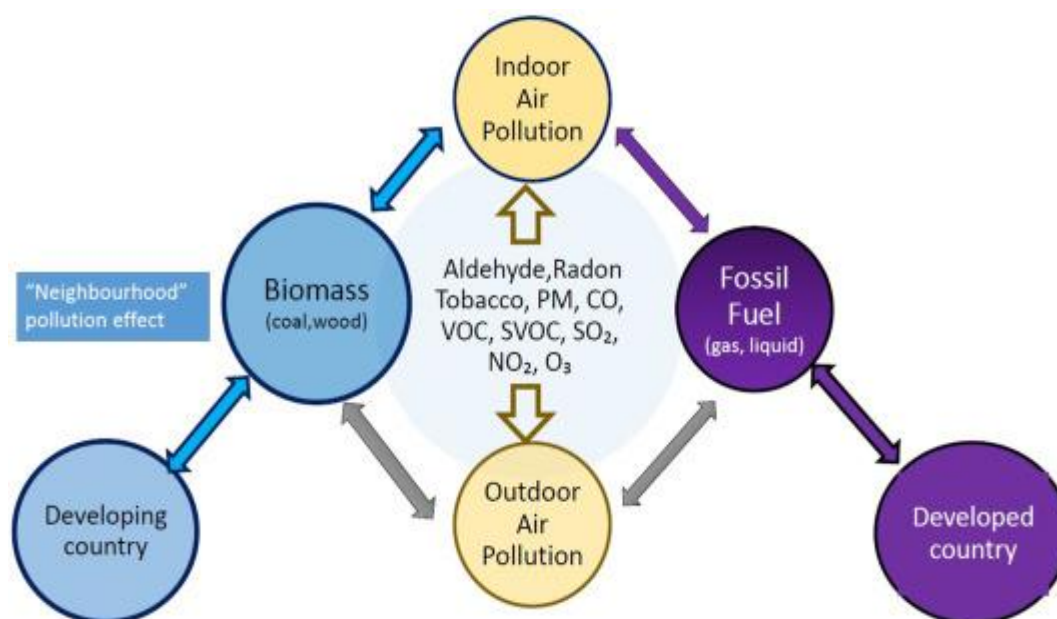
El alcance de los daños causados por los contaminantes atmosféricos depende principalmente de su composición química, como la capacidad de oxidación, la solubilidad, la concentración y la susceptibilidad de la persona o cosa afectada (Xu X. et al., 2018, p.313). En el caso de los humanos, los gases de SO₂ pueden dañar la piel y las vías respiratorias superiores porque son solubles en agua; mientras que el O₃ y el NO₂ pueden penetrar más en los pulmones debido a su menor solubilidad (Rajagopalan S. et al., 2018, p.1). El CO es un gas incoloro, inodoro, altamente soluble y no irritante que tiene mayor afinidad con la hemoglobina que el oxígeno, por lo que pasa fácilmente al torrente sanguíneo para formar carboxihemoglobina con efectos perjudiciales (Dominski F. et al., 2021, p.1).

Las partículas grandes que son visibles como polvo pueden ser transportadas por el viento y depositarse en edificios, estructuras y en los ojos de las personas (Rosario F. et al., 2021, p.1). Varios contaminantes perjudiciales para la salud, como los hidrocarburos poliaromáticos (PAHs) y los contaminantes orgánicos persistentes (POPs) se encuentran comúnmente en las emisiones de la de la combustión incompleta de materiales orgánicos (Strak M. et al., 2021, p.1). Sin embargo, estos

contaminantes pueden unirse a las PM, viajar largas distancias y depositarse en el medio ambiente causando graves daños (Achakulwisut P. et al., 2019, p.1).

Los contaminantes transportados por el aire, como las partículas, también introducen otros contaminantes orgánicos en las aguas superficiales (Racar M. et al., 2017, p.1). Estos contaminantes pueden provocar problemas de salud humana como dolores de estómago, vómitos, diarrea y la fiebre tifoidea (Iriti M. et al., 2020. p.1). Las sustancias químicas como los pesticidas, los hidrocarburos, los COP o los metales pesados pueden tener efectos nocivos para la salud como el cáncer, el desequilibrio hormonal, el deterioro reproductivo y daños graves en el hígado y los riñones (Kumar M. et al., 2020, p.33). Ver figura N°3.

Figura N° 3. Contaminación del aire



Fuente: Rosario F. et al., 2021

Los nutrientes en el agua pueden dar lugar a la eutrofización, un crecimiento de las plantas y, a veces, de las algas que podría dar lugar a la reducción del oxígeno que conduce a más contaminación (Adeogun A. et al., 2016, p.1). Los resultados confirmaron que mil millones de personas se ven directamente afectadas por el agua contaminada, de los cuales las personas que residen cerca de las áreas industriales se encuentran con mucho más riesgo (Popa C. et al., 2017, p.1).

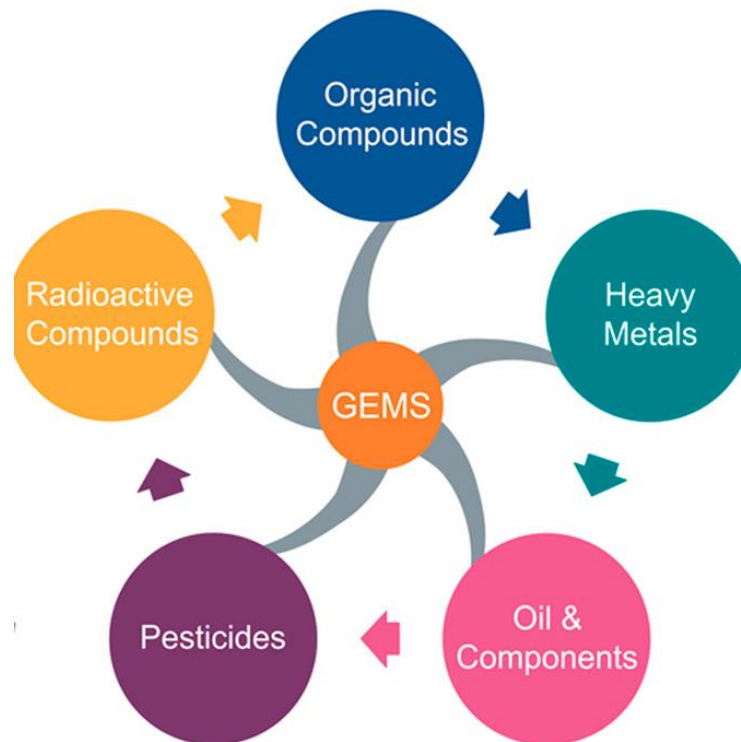
Por otro lado, la contaminación de plástico en tierra es desagradable a la vista, puede penetrar en el suelo e impedir la absorción de nutrientes por las plantas y provocar el enredo de animales terrestres (Jiang R. et al., 2018, p.1). Esta contaminación al suelo no sólo provoca problemas de salud humana, sino que también puede modificar los procesos metabólicos de las plantas, lo que se traduce en un menor rendimiento de las cosechas (Marin-Benito J. et al., 2018, p.172). Los contaminantes también pueden llegar a la cadena alimentaria a través de la absorción de las plantas (Elibariki R. et al., 2017, p.154).

Los microorganismos están asociados a la actividad humana desde hace miles de años (Banerjee, R et al., 2021, p.238). Uno de los métodos de conservación de alimentos más antiguos que se conocen es la fermentación, un proceso destinado a conservar los alimentos y producir una amplia gama de productos alimenticios (Deckers M. et al., 2020, p.1). En 1857 se descubrió que la fermentación es causada por organismos vivos y, en 1897 se consiguió extraer la enzima responsable de las células de levadura (Csutak O. et al., 2018, p.1).

Así, la posibilidad de introducir los microorganismos modificados genéticamente (MMG) en la industria alimentaria representa una solución interesante para satisfacer las demandas del mercado (Mallikarjuna, N. et al., 2019, p.167). Los MMG podrían revolucionar la industria alimentaria al generar productos de calidad superior con sabores y olores más pronunciados y texturas agradables (Nallar S. et al., 2017, p.160). Sin embargo, a pesar del enorme número de estudios de investigación relativos a la mejora de los microorganismos mediante técnicas de ingeniería genética, en la actualidad sólo unas pocas cepas de MMG se utilizan comercialmente o están pendientes de aprobación (Wegmann U. et al., 2017, p.1).

Esto se debe principalmente a la reticencia del público respecto a este tema y a las restricciones legales (Phillips P. et al., 2016, p.153). Por ello, se está intentando utilizar técnicas alternativas para la mejora genética y metabólica de los microorganismos alimentarios (Karalis. D. et al., 2020, p.1). Por otra parte, los tipos de micro organismos son compuestos orgánicos, metales pesados, aceite y componentes, pesticidas, compuestos radiactivos (Pant G. et al., 2021, p.3). Ver figura N°4

Figura N°4. Tipo de microorganismos



Fuente: Pant G et al., 2021

Zhang R. et al., (2016, p.1); diseñó una cepa multifuncional de *Pseudomonas putida* X3 mediante la introducción del gen degradante de metilparatión (MP) y el gen de la proteína fluorescente verde mejorada (EGFP) en *P. putida* X4 (CCTCC: 209319). En cultivos líquidos, la cepa X3 diseñada utilizó MP como única fuente de carbono para el crecimiento y degradó 100 mg L^{-1} de MP en 24 h; sin embargo, esta cepa no metabolizó más el *p*-nitrofenol (PNP), un metabolito intermedio de MP. No se observaron discrepancias en las concentraciones inhibitorias mínimas (MIC) de cadmio (Cd), cobre (Cu), zinc (Zn) y cobalto (Co) entre la cepa X3 diseñada y su cepa huésped. La cepa X3 inoculada aceleró la degradación de MP en diferentes microcosmos de suelo contaminado con $100 \text{ mg MP kg}^{-1}$ suelo seco y/o 5 mg Cd kg^{-1} suelo seco; MP se eliminó por completo en 40 h. Sin embargo, la presencia de Cd en la etapa inicial de remediación retrasó levemente la degradación de MP. La aplicación de la cepa X3 en suelo contaminado con Cd afectó fuertemente la distribución de las fracciones de Cd y el Cd inmovilizado al reducir las concentraciones de Cd biodisponible con Cd soluble/intercambiable más bajo y Cd ligado a compuestos orgánicos.

Singh U. et al., (2018, p.1); en su estudio se aislaron bacterias del suelo recolectado de los sitios contaminados por efluentes de hornos de coque ricos en fenol y cianuro. El alineamiento de la secuencia de nucleótidos y el análisis filogenético mostraron la identidad de los aislamientos degradantes de fenol y cianuro seleccionados NAUN-16 y NAUN-1B como *Pseudomonas putida* y *Pseudomonas stutzeri*, respectivamente. Estos dos aislados toleraron concentraciones de fenol hasta 1800 mg L⁻¹ y cianuro hasta 340 mg L⁻¹. Los aislamientos fueron inmovilizados sobre carbón activado, aserrín y cenizas volantes. El efluente se pasó por la columna empacada con células inmovilizadas con un caudal de 5 mL min⁻¹. Los aislamientos mostraron una degradación de fenol de hasta el 80,5 % y de cianuro de hasta el 80,6 % y también tenían la capacidad de reducir la demanda biológica de oxígeno, la demanda química de oxígeno y bajar el pH del efluente de alcalino a casi neutro. El estudio sugiere la utilización de tales cepas bacterianas potenciales en el tratamiento de efluentes industriales que contienen fenol y cianuro, antes de ser arrojados a cualquier ecosistema.

Porter Stephanie S. et al., (2017, p.1); en su estudio utilizó la secuenciación del genoma completo para describir el pangenoma de un clado focal de mesorhizobios silvestres que muestran niveles contrastantes de adaptación al níquel a pesar de la alta relación (99,8 % de identidad en 16S). Donde se observó una especialización ecotípica dentro de una población genómicamente cohesiva, en lugar de encontrar distintos linajes bacterianos especializados en tipos de suelo contrastantes. Este hallazgo respalda informes recientes de que los entornos heterogéneos imponen una selección que mantiene la diferenciación solo en una pequeña fracción del genoma. Nuestro trabajo utiliza además un estudio de asociación de todo el genoma para proponer genes candidatos para la adaptación del níquel. Varios candidatos muestran homología con los sistemas genéticos involucrados en la tolerancia al níquel y un grupo de candidatos se correlaciona perfectamente con el origen del suelo, lo que valida nuestro enfoque de atribuir la variación genómica a la divergencia adaptativa.

Wang J. et al., (2017, p.1); tiene como objetivo de su estudio determinar la capacidad de decoloración de una lacasa bacteriana mediante mutagénesis dirigida al sitio. Se construyó una variante D501G de lacasa de *Bacillus amyloliquefaciens* y se sobreexpresó en *Escherichia coli*. La actividad lacasa en el sobrenadante del cultivo

alcanzó 3374 U·L⁻¹ para el mutante. En comparación con la enzima de tipo salvaje, la D501G exhibió una mejor estabilidad y eficiencia catalítica. Podía decolorar más del 92 % del índigo carmín sin mediadores adicionales en 5 h a un pH de 9,0, que era 3,5 veces mayor que la lacasa de tipo salvaje. Se confirmó que el ácido sulfónico de isatina es el principal producto de la degradación del índigo carmín mediante análisis UV-vis y LC-MS.

Luo Quan et al., (2018, p.1); en su estudio construyó L386W/G417L/G57F (abreviado como WLF), un buen mutante de CotA-laccasa de *Bacillus pumilus* W3 y fue reportado como una eficiencia catalítica altamente mejorada. Sin embargo, el bajo nivel de expresión funcional de WLF mutante en *Escherichia coli* es un defecto. Se construyeron tres mutantes, a saber, K317N/WLF, D501G/WLF y K317N/D501G/WLF, mediante mutagénesis dirigida al sitio para mejorar la expresión funcional de WLF en este estudio. La expresión soluble y activa de D501G/WLF y K317N/D501G/WLF en *E. coli* mejoró el nivel 4,48 veces y 3,63 veces, respectivamente. El K317N/WLF no logró aumentar el nivel de expresión soluble, pero mejoró ligeramente la estabilidad de CotA-laccasa. Los resultados mostraron que no solo la posición 501 es significativa para la expresión funcional de *B. pumilus* W3 CotA, sino que estos mutantes aún conservaron su alta termoestabilidad, resistencia a los álcalis con sal y una eficiencia decolorante conspicua. Concluyendo que este trabajo es el primero en mejorar la expresión soluble de *B. pumilus* CotA-laccasa en *E. coli* por mutagénesis dirigida al sitio.

Peeters C. et al., (2019, p.2); en su trabajo el análisis comparativo de las secuencias de los genes *gyrB*, *recA* y *gltB* parciales de 84 cepas de referencia de *Pandoraea* y aislados de campo reveló varios grupos que no incluían cepas de referencia taxonómicas. Por lo cual, los árboles filogenéticos *gyrB*, *recA* y *gltB* se utilizaron para seleccionar 27 cepas para el análisis de la secuencia del genoma completo y para un estudio de genómica comparativa que también incluyó 41 *Pandoraea* disponibles públicamente. Los análisis filogenómicos incluyeron un enfoque de filogenia de distancia Genome BLAST para calcular valores de hibridación ADN-ADN digital por pares y sus intervalos de confianza, análisis de identidad de nucleótidos promedio utilizando el algoritmo OrthoANlu y una reconstrucción de filogenia de todo el genoma basada en 107 genes centrales de una sola copia utilizando bcgTree. Estos análisis, junto con los posteriores análisis

quimiotaxonómicos y fenotípicos tradicionales, revelaron la presencia de 17 nuevas especies de *Pandoraea* entre las cepas analizadas y permitieron la identificación de varias cepas de *Pandoraea* no clasificadas reportadas en la literatura.

Sacomanno M. et al., (2018, p.1); investigó el catabolismo de los aminofenoles sustituidos con SF₅ por bacterias y se descubrió que algunas *Pseudomonas* spp. pueden utilizar estos compuestos como únicas fuentes de carbono y energía. El análisis GC-MS de los sobrenadantes de cultivos cultivados en 5-(pentafluorosulfanil) 2-aminofenol demostró la presencia de *N*-derivado acetilado del sustrato de partida y 4-(pentafluorosulfanil)catecol. También se llevaron a cabo experimentos de biotransformación con células resuspendidas y los análisis de RMN con flúor-19 del extracto orgánico y la fracción acuosa de los experimentos con células suspendidas revelaron nuevas resonancias de los intermedios sustituidos con SF₅. La suplementación de cultivos celulares suspendidos con extracto de levadura mejoró drásticamente la degradación del sustrato, así como la liberación de iones de fluoruro. Se demostró que el 4-(pentafluorosulfanil)catecol es un metabolito derivado y tóxico para algunas de las bacterias.

Undugoda L. et al., (2016, p.1); en su estudio dos cepas bacterianas, *Alcaligenes faecalis* y *Alcaligenes* sp. 11SO, aisladas de la filósfera de cuatro especies de plantas ornamentales, *Ixora chinensis*, *Ervatamia divaricata*, *Hibiscus rosa-sinensis* y *Amaranthus cruentus*, encontradas en cinco lugares altamente contaminados de Sri Lanka, mostraron una mayor capacidad de degradación de fenantreno y naftaleno. Estas dos cepas albergan plásmidos que les confieren resistencia a la ampicilina. El curado de estas cepas de su plásmido redujo drásticamente la capacidad de degradar los hidrocarburos. La transformación de estos plásmidos en *E.coli* JM109 le permitió degradar eficazmente los dos hidrocarburos. La degradación de fenantreno y naftaleno codificada por el plásmido sugirió la presencia de los genes catabólicos necesarios en estos plásmidos. La amplificación por PCR con cebadores degenerados y la comparación de sus secuencias de nucleótidos con las del Genbank indicaron que los plásmidos de esas cepas bacterianas albergan los genes nahR, nahU, implicados en la degradación del naftaleno, y phnG para la degradación del fenantreno.

Zuo Z. et al., (2016, p.1); construyeron un plásmido suicida con casetes de expresión que contenían un promotor constitutivo J23119, un gen degradante de OP (*mpd*), un

gen carboxilesterasa hidrolizante de piretroides (*pytH*) que utiliza el gen *upp* como marcador contraseleccionable para *P. putida* deficiente en *upp* . Por introducción de plásmido suicida y recombinación homóloga en dos pasos, tanto *mpd* como *pytH* los genes se integraron en el cromosoma de una robusta bacteria del suelo *P. putida* KT2440 y no quedó ningún marcador de selección en el cromosoma. La expresión funcional de *mpd* y *pytH* en *P. putida* KT2440 se demostró mediante análisis de transferencia Western y ensayos de actividad enzimática. Los experimentos de degradación con cultivos líquidos mostraron que los pesticidas mixtos, incluidos metilparatión, fenitrotión, clorpirifos, permetrina, fenpropatrina y cipermetrina (0,2 mM cada uno), se degradaron completamente en 48 h. La inoculación de la cepa modificada (10^6 células/g) a los suelos tratados con los plaguicidas mezclados anteriores resultó en una mayor tasa de degradación que en los suelos no inoculados. Concluyendo que los seis pesticidas podrían degradarse completamente en 15 días en suelos fumigados y no fumigados con inoculación.

Khan Ali M. et al., (2016, p.1); analizó los procesos que controlan la biodegradación aeróbica de COV en una configuración de laboratorio que imita la zona no saturada sobre un acuífero poco profundo. La configuración permitió el transporte difusivo en fase de vapor y la biodegradación de tres COV: tolueno deuterado y no deuterado como dos compuestos de biodegradabilidad muy diferente.pero (casi) propiedades físicas y químicas idénticas, y MTBE como (en las condiciones experimentales aplicadas) trazador no biodegradable y control interno. Los resultados mostraron para el tolueno una degradación microbiana efectiva dentro de distancias de transporte de COV de centímetros a pesar de la alta difusividad de la fase gaseosa; además las tasas de degradación fueron controladas por la reactividad de los compuestos, mientras que las condiciones óxicas se encontraron en todo el sistema.

III. METODOLOGÍA

3.1. Tipo y diseño de investigación

En una investigación siempre esperamos que las cifras nos dicten resultados, pero hay investigaciones en las que un exhaustivo análisis de los datos obtenido acerca del fenómeno a estudiar nos permitirá obtener respuestas o resultados congruentes con lo recopilado e indagado, esta es la investigación cualitativa. Los aspectos que caracterizan a un fenómeno suelen tergiversarse al plasmarse de la realidad a la transcripción de datos, por ello la principal característica de la investigación cualitativa es identificar los aspectos más profundos del fenómeno y ser plasmados tal cual es decir de manera original permitiendo identificar la realidad del fenómeno (C. Escudero y L. Cortez, 2018, p.44).

La investigación cualitativa además usa métodos no estandarizados y a través de su método inductivo permite que a través del proceso de la investigación nazcan nuevas hipótesis que permitirán llegar a los resultados. Por ello en la presente investigación se consideró cualitativa ya que a través de los textos extraídos se hizo uso de los datos indagados quienes fueron analizados y transcritos de manera original.

Para Gutiérrez (2016, p.1), en una investigación los conocimientos generados ayudan a fortalecer teorías o resultados ya registrados en otras investigaciones por ello lo que espera este tipo de investigación es que el conocimiento generado se aplique en la realidad con el fin de aportar al desarrollo científico. Por tal en el presente estudio se consideró una investigación aplicada ya que este avalo y apporto a los conocimientos ya existentes sobre la contaminación ambiental.

Se aplicó el diseño experimental sistemático donde a través de un exhaustivo análisis de sus conceptos e ideas llamadas "codificación abierta" se categorizó los diferentes conceptos encontrados en cada texto extraído y analizado con el fin de centrar la más relevante que permitió iniciar el proceso de la investigación recogiendo la codificación en vivo. Entre todas las categorías dadas después del análisis de los textos se identificó "categoría axial" que sirve como conector entre las diferentes categorías para obtener una "codificación selectiva" que ayudara a obtener un núcleo teórico. Una de las características de este diseño es que no es un proceso lineal por ello se dice que este conlleva un proceso circular (Maurer H. et al., 2017, p.1). Tal así que el

presente estudio utilizo el diseño experimental sistemático ya que los hechos estudiados fueron analizados, extraídos y se categorizaron las ideas sobre los contaminantes ambientales.

3.2 Categoría, Subcategoría y matriz de categorización apriorística

Las categorías y subcategorías seleccionadas en el presente proyecto de investigación se dieron en base los problemas y objetivos específicos.

3.3 Escenario de estudio

En los textos que fueron indagados y tomados para el desarrollo de esta investigación encontramos diferentes escenarios donde surgieron y tomaron cuerpo los fenómenos. El presente estudio es una revisión sistemática por tal cada escenario encontrado en los textos han sido tomados como escenario de estudio de la investigación entre ellos laboratorios, bibliotecas y otros espacios.

3.4 Participantes

Los textos extraídos de diferentes fuentes fueron los datos analizados que ayudaron al desarrollo de la investigación. Por ello las redes de revistas científicas, bibliotecas virtuales y otros se consideraron como participantes del presente estudio como son: Sciencedirect, Scielo y Pubmed.

3.5 Técnicas e instrumentos de recolección de datos

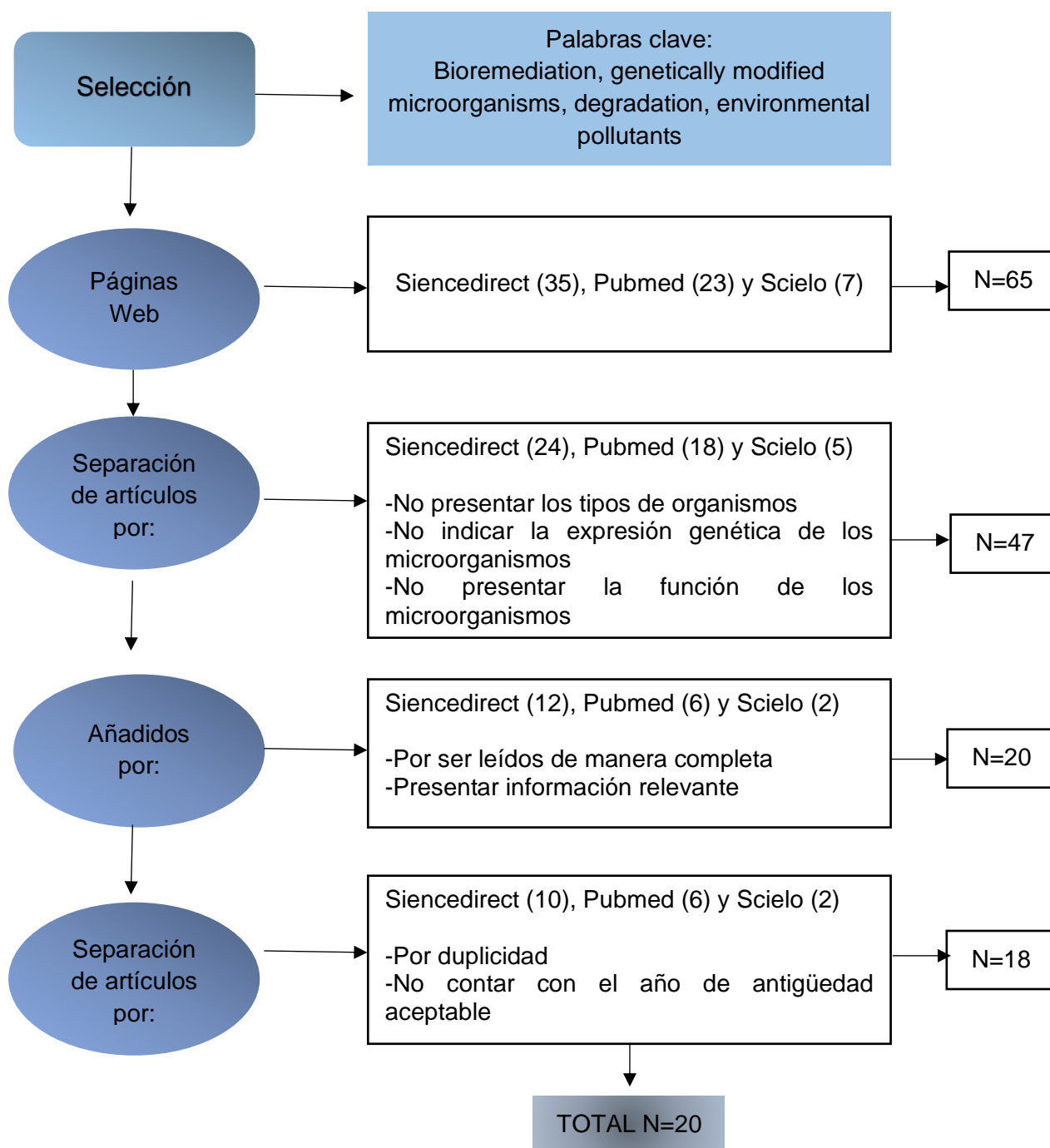
Para un fácil control y entendimiento de toda la información extraída se hizo uso de la técnica análisis documental, ya que permitió recopilar toda la información relevante a través de un documento nuevo, donde se plasmaron todas las ideas más resaltantes que ayudaron al desarrollo de la investigación (Peña T. y Pírela J., 2007, p.59). Esta técnica se caracteriza por facilitar al investigador el acceso a la información requerida a través de este nuevo documento y su fácil recuperación. Esta técnica fue aplicada a través de la extracción de las ideas más resaltantes que se obtuvieron de cada texto sobre Biorremediación mediante microorganismos modificados genéticamente.

La ficha de análisis de contenido, este instrumento de recolección de datos nos permitió recopilar información sobre las investigaciones y sus autores, exponiendo las ideas de manera original dadas por los autores.

3.6 Procedimientos

Los artículos seleccionados en la presente investigación se dieron de la siguiente forma:

Grafica N°3. Procedimientos de selección de artículos al estudio



3.7 Rigor científico

El contenido de una información se rige bajo los criterios del rigor científico esperando así que el cumplimiento de los criterios dados por este se obtenga una investigación válida y auténtica, para Castillo E. y Vásquez M.L (2003) se cumplen con tres criterios:

La credibilidad, se espera que el participante reconozca los resultados arrojados a través del análisis de aquellos datos recopilados por el investigador. Donde estos datos fueron dados por los mismos participantes por ello estos esperan ver reflejada la realidad vivida con el fenómeno a través de la congruencia entre la información dada y los resultados obtenidos. (Castillo E. y Vásquez M.L, 2003, p.165). Este criterio fue aplicado a través de la información que fue extraída e indagada, plasmando de manera original todo lo recopilado evitando así juicios personales del investigador que pudiesen alterar los resultados.

La auditabilidad es un criterio que permitirá al lector desarrollar sus habilidades de reconocer y seguir trazos dejados por el autor. En este criterio el autor deja una línea a seguir a través del registro de ideas concretas y relevantes que plasma en su investigación pero que tiene que ser reconocida por el lector (Castillo E. y Vásquez M.L, 2003, p.165). Por ello el presente estudio ha registrado las ideas y la metodología a seguir que permitirá a otro investigador seguir la ruta y obtener resultados.

Con el criterio transferibilidad se busca que los resultados obtenidos en una investigación puedan ser extendidos y aplicados a otra población. Las características de un fenómeno como el tiempo y la realidad en la que suscitan son intransferibles, con este criterio se espera que los resultados de una investigación logren en otra población encontrar respuestas. Teniendo en cuenta que el investigador debe evaluar que tanto se ajustan los resultados al nuevo contexto y la perspectiva en la que se manejó la investigación. (Castillo E. y Vásquez M.L, 2003, p.166). Este criterio se aplicó a través del registro de la perspectiva en la que se encaminó la investigación y los resultados congruentes con los datos recopilados.

3.8 Método de análisis de información

El método usado en el presente estudio fue la triangulación, con la cual se usó diferentes datos y fuentes. La técnica usada fue la matriz de categorización la cual fue dividida en:

Categorías: Tipos de microorganismos modificados, Expresión genética modificada de los microorganismos, Función de los microorganismos modificados.

Sub categorías: Bacterias, hongos, algas / De acuerdo al organismo empleado; Gen degradador de SDS, Gen de lactano, sitio dirigido mutagénicamente / De acuerdo al tipo de organismo aplicado; Alta termoestabilidad, resistencia, eficacia decolorante eficiencia decolorante, eficiencia catalítica contra contaminantes ambientales / De acuerdo a la categoría de organismos y microorganismos modificados genéticamente

3.9 Aspectos éticos

Una investigación científica tiene como características los siguientes aspectos para la validez de su información:

Norma ISO 690: respeto a la autoría, citando correctamente al autor de cada texto tomado y plasmado en el presente estudio.

Turnitin: a través de este programa se comprobó la veracidad del contenido de la información presentada en la investigación

Norma vigente: se cumplió con lo dictado en la Guía de productos observables estipulado por la Universidad Cesar Vallejo.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los aspectos relevantes de la biorremediación mediante microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales están enfocados en la importancia del tipo de organismos y microorganismos usado para la modificar genéticamente, así como la expresión genética modificada y la función de los microorganismos modificados; por tal motivo se elaboró las tablas 1, 2 y 3.

De acuerdo con la tabla 1, se buscó clasificar los tipos de microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales, teniendo como criterio el organismo empleado.

Tabla N° 1. Tipos de organismos y microorganismos modificados genéticamente

Tipo de contaminante	Organismos modificados	Tipo de organismos	Fuente
Organismos para la degradación de iones metálicos	<i>Deinococcus radiodurans</i> (resistente a la radiación)	Bacteria	Gupta D. y Walther C., (2016, p.1)
	<i>Mesorhizobium huakuii</i>	Bacteria	Porter Stephanie S. et al., (2017, p.1)
	Cepa <i>E.coli</i> SE5000	Bacteria	Faranham K. y Dube D., (2016, p.1)
	<i>Pseudomonas</i> K-62	Bacteria	Chang S. et al., (2016, p.1)
	<i>Pseudomonas putida</i> X3 cepa	Bacteria	Zhang R. et al., (2016, p.1)
	<i>Scenedesmus obliquus</i>	Algas	Salamanca et al., 2016
	<i>reinhardtii</i>	Algas	Zedler J. et al., (2016, p.1)
	<i>Pseudochoricystis ellipsoidea</i>	Algas	Kang Nam K. et al., (2017, p.1)
Organismos modificados para degradar colorantes	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> D501G variante	Bacteria	Wang J. et al., (2017, p.1)
	Cepa mutante de <i>Bacillus pumilus</i> CotAlaccase	Bacteria	Luo Quan et al., (2018, p.1)
Organismos modificados para degradar	<i>Pseudomonas diminuta</i>	Bacteria	Bigley A. y Raushel F., (2019, p.1)

xenobióticos orgánicos		<i>Alcaligenes sp.</i>	Bacteria	Hussain I. et al., (2018, p.1)
		<i>Pandoraea sp</i>	Bacteria	Peeters C. et al., (2019, p.2)
		<i>Pseudomonas Sp.</i>	Bacteria	Sacomanno M. et al., (2018, p.1)
		<i>Alcaligenes sp</i>	Bacteria	Undugoda L. et al., (2016, p.1)
Organismos modificados para degradar contaminantes orgánicos		<i>P. putida</i> KT2442	Bacteria	Khan Ali M. et al., (2016, p.1)
		<i>P. pseudo-alcaligenes</i> KF707-D2	Bacteria	Chen Dan et al., (2016, p.1)
		<i>Pseudomonas putida</i> y <i>Pseudomonas stutzeri</i>	Bacteria	Singh U. et al., (2018, p.1)
		<i>Aspergillus niger</i>	Hongo	Alazi Ebru et al., (2018, p.1)
Organismos modificados para degradar contaminación por petróleo		<i>Rhodococcus</i> RHA1	Bacteria	Li Chao et al., (2016, p.1)
		<i>P. aeruginosa</i>	Bacteria	Aybey A. y Demirkan E., (2016, p.1)
Organismos modificados para degradar compuestos radiactivos		<i>Deinococcus radiodurans</i>	Bacteria	Gogada R. et al., (2016, p.2)
		<i>D. geothermalis</i>	Bacteria	Kotnik T. et al., (2016, p.1)
		<i>Deinococcus radiodurans</i> R1	Bacteria	Choi Mi H. et al., (2017, p.1)
Organismos modificados para degradar plaguicidas		<i>Pseudomonas putida</i> KT2440	Bacteria	Zuo Z. et al., (2016, p.1)
		<i>Pseudomonas putida</i> X3 strain	Bacteria	Zheng et al., (2016, p.1)

Se confirma que la biorremediación es la única herramienta eficaz para una descontaminación más limpia, segura, sostenible y rentable de los sitios contaminados (Jacob et al., 2018). Por lo tanto, elegir la cepa microbiana correcta en términos de su potencial, crecimiento rápido y respuestas nutricionales y, luego, la ingeniería es importante.

Ante ello, mediante la tabla 1, se tiene que los tipos de microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales son las bacterias, hongos y algas; siendo entre los más aplicado las cepas bacterianas.

Siendo ello corroborado por Gupta D. y Walther C., (2016, p.1), Porter Stephanie S. et al., (2017, p.1), Faranham K. y Dube D., (2016, p.1), Chang S. et al., (2016, p.1), Zhang R. et al., (2016, p.1), Wang J. et al., (2017, p.1), Luo Quan et al., (2018, p.1), Bigley A. y Raushel F., (2019, p.1).

Así mismo, Kamthan et al., (2016, p.3), señala que Hay algunos puntos que deben tenerse en cuenta al elegir y diseñar una cepa bacteriana específica, es decir, debe contener genes para la homeostasis de metales, enzimas biodegradables, absorción de metales, síntesis de quelantes de metales, genes para la supervivencia en condiciones de estrés biótico y abiótico, etc.

Además, las cepas bacterianas fueron modificadas genéticamente para la degradación en su mayoría de iones metálicos, seguido de contaminantes orgánicos. Siendo así corroborado por Gupta D. y Walther C., (2016, p.1). quien afirma que la cepa *Deinococcus radiodurans* es resistente a la radiación y lo aplica como organismos para la degradación de iones metálicos.

Por otro lado, Se identificó la expresión genética modificada de microorganismos empleados para la degradación de contaminantes ambientales mediante la tabla 2.

Tabla N° 2: Expresión genética modificada de microorganismos

Tipo de contaminante	Organismos modificados	Expresión génica modificada	Fuente
Organismos para la degradación de iones metálicos	<i>Deinococcus radiodurans</i> (resistente a la radiación)	MerH, una nueva incorporación del gen transportador de iones de <i>M. marinum</i>	Gupta D. y Walther C., (2016, p.1)
	<i>Mesorhizobium huakuii</i>	Transformado con genes que codifican los PC de <i>Arabidopsis thaliana</i>	Porter Stephanie S. et al., (2017, p.1)
	Cepa <i>E.coli</i> SE5000	Sistema de transporte de níquel exprés (productos del gen nixA)	Faranham K. y Dube D., (2016, p.1)
	<i>Pseudomonas</i> K-62	Sistema de transporte de Hg exprés y	Chang S. et al., (2016, p.1)

		organomercurial liasa	
	<i>Pseudomonas putida</i> X3 cepa	La proteína verde fluorescente mejorada (EGFP) y el gen degradante del metilparatión incorporación	Zhang R. et al., (2016, p.1)
Organismos modificados para degradar colorantes	<i>Bacillus</i> <i>amyloliquefaciens</i> D501G variante	Mutagénesis dirigida al sitio	Wang J. et al., (2017, p.1)
	Cepa mutante de <i>Bacillus pumilus</i> CotAlaccase	Mutagénesis dirigida al sitio	Luo Quan et al., (2018, p.1)
Organismos modificados para degradar xenobióticos orgánicos	<i>Pseudomonas</i> diminuta	Expresión recombinante	Bigley A. y Raushel F., (2019, p.1)
	<i>Alcaligenes sp.</i>	El gen DMFase expresión génica	Hussain I. et al., (2018, p.1)
	<i>Pandoraea sp</i>	Expresión del gen de lactano	Peeters C. et al., (2019, p.2)
	<i>Pseudomonas Sp.</i>	Expresión génica degradante de SDS	Saccomanno M. et al., (2018, p.1)
Organismos modificados para degradar contaminantes orgánicos	<i>P. putida</i> KT2442	Vía modificada	Khan Ali M. et al., (2016, p.1)
	<i>P. pseudo- alcaligenes</i> KF707- D2	Especificidad de sustrato modificada	Chen Dan et al., (2016, p.1)
	<i>Pseudomonas putida</i> y <i>Pseudomonas</i> <i>stutzeri</i>	Especificidad de sustrato modificada	Singh U. et al., (2018, p.1)
Organismos modificados para degradar contaminación por petróleo	<i>Rhodococcus</i> RHA1	Contiene pPC3 con operón fcb de <i>A.</i> <i>globiformis</i>	Li Chao et al., (2016, p.1)
	<i>P. aeruginosa</i>	No indica	Aybey A. y Demirkan E., (2016, p.1)
Organismos modificados para degradar compuestos radiactivos	<i>Deinococcus</i> <i>radiodurans</i>	Los plásmidos se utilizan para aumentar la resistencia a algunos elementos más radiactivos, como la incorporación del locus methH.	Gogada R. et al., (2016, p.2)

	<i>D. geothermalis</i>	Se inducen plásmidos de radiodurans	Kotnik T. et al., (2016, p.1)
	<i>Deinococcus radiodurans</i> R1	Los plásmidos se utilizan para aumentar la resistencia a algunos elementos más radiactivos.	Choi Mi H. et al., (2017, p.1)
Organismos modificados para degradar plaguicidas	<i>Pseudomonas putida</i> KT2440	Contiene el promotor J23119, pytH (gen de carboxilesterasa hidrolizante de piretroides) y mpd, un gen degradante de OP	Zuo Z. et al., (2016, p.1)
	<i>Pseudomonas putida</i> X3 strain	Consisten en el gen de la proteína fluorescente verde mejorada (EGFP) y el metilparatión (MP)-gen degradante	Zheng et al., (2016, p.1)

La tecnología de ADN recombinante es una forma eficiente de convertir cualquier organismo (bacteria, hongo, etc.) en su forma deseada (Liu et al., 2019, p.4)

De acuerdo con la tabla 2, se tiene que la expresión genética modificada de microorganismos empleados para la degradación de contaminantes ambientales es mediante la incorporación de un gen. Ello es explicado por Gupta D. y Walther C., (2016, p.1), quien utilizó un vector (fago, plásmido o virus) en el que se ha incorporado el gen de interés y, por lo tanto, se puede expresar en un huésped apropiado de elección.

Así también lo corroboran Porter Stephanie S. et al., (2017, p.1), utilizando un gen que codificó los PC de *Arabidopsis thaliana*; teniendo como organismos mdificado a la bacteria *Mesorhizobium huakuii*.

Así mismo, Zhang R. et al., (2016, p.1), Hussain I. et al., (2018, p.1), Peeters C. et al., (2019, p.2), Saccomanno M. et al., (2018, p.1), Undugoda L. et al., (2016, p.1); donde la expresión genética modificada fue un gen; como lo describen: la proteína verde fluorescente mejorada (EGFP) y el gen degradante del metilparatión incorporación;

El gen DMFase expresión génica, Expresión del gen de lactano, Expresión génica degradante de SDS, Genes nahR, expresión génica nahU respectivamente.

Pero para Strauss y Sax, (2016, p.4), ello requiere varias herramientas como enzimas de restricción, ADN ligasa, vector, transcriptasa inversa, fosfatasa alcalina, polinucleótido quinasa T4, huésped, nucleasa S1, fragmento Klenow, exonucleasa, enlazador, desoxinucleotidil transferasa terminal y moléculas adaptadoras; lo que no lo convierte en el método más factible.

Así también, por otro lado, se buscó determinar la función de los microorganismos modificados genéticamente en la degradación de contaminantes ambientales mediante la clasificación de los artículos en la tabla 3; teniendo como criterios la categoría de microorganismos modificados genéticamente

Tabla N° 3. Función de los microorganismos modificados genéticamente

Tipo de contaminante	Organismos modificados	Aplicaciones	Fuente
Organismos para la degradación de iones metálicos	<i>Deinococcus radiodurans</i> (resistente a la radiación)	Degrada el iónico mercurio	Gupta D. y Walther C., (2016, p.1)
	<i>Mesorhizobium huakuii</i>	Capaz de acumular y degradar Cd ²⁺	Porter Stephanie S. et al., (2017, p.1)
	Cepa <i>E.coli</i> SE5000	Degrada el níquel del sistema acuoso sistema	Faranham K. y Dube D., (2016, p.1)
	<i>Pseudomonas</i> K-62	Degrada el Hg	Chang S. et al., (2016, p.1)
	<i>Pseudomonas putida</i> X3 cepa	Degrada el metil paratión y cadmio	Zhang R. et al., (2016, p.1)
Organismos modificados para degradar colorantes	<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> D501G variante	Mayor estabilidad y eficiencia catalítica frente al índigo carmín.	Wang J. et al., (2017, p.1)
	Cepa mutante de <i>Bacillus pumilus</i> CotAlaccase	Alta termoestabilidad, resistencia, decoloración eficiencia.	Luo Quan et al., (2018, p.1)
Organismos modificados para degradar	<i>Pseudomonas diminuta</i>	Activación de la enzima fosfotriesterasa para la descontaminación del organofosforados	Bigley A. y Raushel F., (2019, p.1)

xenobióticos orgánicos	<i>Alcaligenes sp.</i>	Actividad microbiana mejorada y producción de compuestos de activación de fitorremediación	Hussain I. et al., (2018, p.1)
	<i>Pandoraea sp</i>	Biodegradación mejorada de xenobióticos mediante la producción de varios metabolitos primarios.	Peeters C. et al., (2019, p.2)
	<i>Pseudomonas Sp.</i>	Biodegradación mejorada de aminofenol sustituido con pentafluorosulfonilo.	Saccomanno M. et al., (2018, p.1)
	<i>Alcaligenes sp</i>	Biodegradación del ácido acético 2,4- diclorofenox	Undugoda L. et al., (2016, p.1)
Organismos modificados para degradar contaminantes orgánicos	<i>P. putida</i> KT2442	Degradar tolueno/benzoato	Khan Ali M. et al., (2016, p.1)
	<i>P. pseudoalcaligenes</i> KF707-D2	TCE degradado, tolueno, benceno y fluorobifenilo.	Chen Dan et al., (2016, p.1)
	<i>Pseudomonas putida</i> y <i>Pseudomonas stutzeri</i>	Degradar fenol y cianuro	Singh U. et al., (2018, p.1)
Organismos modificados para degradar contaminación por petróleo	<i>Rhodococcus</i> RHA1	Degradar 4-clorobenzoato	Li Chao et al., (2016, p.1)
	<i>P. aeruginosa</i>	Petróleo crudo de décadas	Aybey A. y Demirkan E., (2016, p.1)
Organismos modificados para degradar compuestos radiactivos	<i>Deinococcus radiodurans</i>	Degrada compuestos radiactivos como el tolueno.	Gogada R. et al., (2016, p.2)
	<i>D. geothermalis</i>	Degrada Fe(III) ácido nitrilotriacético, Hg(II), U(VI) y Cr(VI)	Kotnik T. et al., (2016, p.1)
	<i>Deinococcus radiodurans</i> R1	Eliminación de yodo radiactivo (>99%)	Choi Mi H. et al., (2017, p.1)
Organismos modificados para degradar plaguicidas	<i>Pseudomonas putida</i> KT2440	Degradar fenitrotión, clorpirifos, metilparatión, cipermetrina, permectrina y fenpropatrina	Zuo Z. et al., (2016, p.1)
	<i>Pseudomonas putida</i> X3 strain	Degradar los microcosmos del suelo agrícola contaminados con cadmio y metilparatión	Zheng et al., (2016, p.1)

La función de los microorganismos modificados genéticamente en la degradación de contaminantes ambientales es la de degradar iones metálicos, colorantes, xenobióticos orgánicos, contaminantes orgánicos, contaminación por petróleo, compuestos radiactivos y plaguicidas.

Siendo que los iones metálicos y los xenobióticos orgánicos son unos de los grupos de contaminantes más presentes a la hora de aplicar los microorganismos modificados genéticamente. Siendo ello respaldado por: Gupta D. y Walther C., (2016, p.1), Porter Stephanie S. et al., (2017, p.1), Faranham K. y Dube D., (2016, p.1), Chang S. et al., (2016, p.1), Zhang R. et al., (2016, p.1) y Hussain I. et al., (2018, p.1), Peeters C. et al., (2019, p.2), Saccomanno M. et al., (2018, p.1), Undugoda L. et al., (2016, p.1).

Así, Peeters C. et al., (2019, p.2), encontrado en la tabla X, menciona en su estudio que los xenobióticos son sustancias químicas no naturales y sintéticas, que tienen una alta persistencia durante décadas en el ecosistema debido a su compleja estructura orgánica y además de los peligros de riesgo directo dentro de un corto tiempo de exposición en el ecosistema, son bien conocidos como la principal clase de contaminantes asociados con la toxicidad inducida por productos químicos en el ser humano; por ello es mayor el interés en la eliminación de este tipo de contaminante.

Así mismo, respaldando lo mencionado Bigley A. y Raushel F., (2019, p.1), señalaron que las aplicaciones de enfoques microbianos con alta especificidad y eficiencia para el tratamiento de xenobióticos han ampliado el alcance de la biorremediación sobre los métodos convencionales; utilizando en su estudio la cepa *Pseudomonas* teniendo como función en la activación de la enzima fosfotriesterasa para la descontaminación del organofosforado para degradar los xenobióticos orgánicos.

Adicionando soporte a los resultados Hussain et al., (2018), indica que la técnica de ingeniería genética para construir microbios con una facilidad degradativa mejorada allana el camino y las posibilidades de desintoxicación de dichos contaminantes persistentes del medio ambiente.

Pero, por su parte Gogada R. et al., (2016, p.2), Kotnik T. et al., (2016, p.1) y Choi Mi H. et al., (2017, p.1) manifestaron en sus estudios que los microorganismos modificados genéticamente presentan también grandes funciones en la degradación de compuestos radiactivos; como lo señalan en sus trabajos, donde la modificación genética de la bacteria *Deinococcus radiodurans* degradó compuestos radiactivos como el tolueno; así también *D. geothermalis* degradó Fe(III) ácido nitrilotriacético, Hg(II), U(VI) y Cr(VI) y por último, *Deinococcus radiodurans* R1 eliminó el yodo radiactivo (>99%).

V. CONCLUSIONES

Los aspectos relevantes de la biorremediación mediante microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales han puesto de manifiesto el alto potencial de las bacterias modificadas genéticamente para la biorremediación de contaminantes de una manera muy exitosa en comparación con los métodos convencionales. Además, se ha comprobado que tanto la prevención de la contaminación como la limpieza de los lugares contaminados son esenciales para un medio ambiente más seguro. Así mismo, se presenta en los siguientes puntos las conclusiones específicas:

- 1) Los tipos de microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales son las bacterias, hongos y algas; siendo entre los más aplicado las cepas bacterianas; además las cepas bacterianas son las que presentan mayor modificación genéticamente para la degradación en su mayoría de iones metálicos, seguido de contaminantes orgánicos.
- 2) La expresión genética modificada de microorganismos empleados para la degradación de contaminantes ambientales es mediante la incorporación de un gen. utilizando vectores como fago, plásmido o virus en el que se incorpora el gen de interés y, por lo tanto, se puede expresar en un huésped apropiado de elección.
- 3) La función de los microorganismos modificados genéticamente en la degradación de contaminantes ambientales es la de degradar iones metálicos, colorantes, xenobióticos orgánicos, contaminantes orgánicos, contaminación por petróleo, compuestos radiactivos y plaguicidas. Siendo que los iones metálicos y los xenobióticos orgánicos son unos de los grupos de contaminantes más presentes a la hora de aplicar los microorganismos modificados genéticamente.

VI. RECOMENDACIONES

Mediante los estudios revisados se pudo concluir que la demanda de biorremediación de residuos sólo puede satisfacerse centrándose en el diseño de más bacterias GE, que pueden conducir al control de los tóxicos ambientales, por ello se recomienda realizar mayores estudios y ampliar en el campo de la modificación genética de microorganismos. Así mismo, se realiza a continuación las siguientes sugerencias:

Se sugiere aplicar algas y hongos como microorganismos modificados genéticamente para degradar diversos tipos de contaminantes, debido a que su aplicación, aunque es casi escasa en comparación de las cepas bacterianas, han presentado resultados altos.

Así mismo, se recomienda se ha podido observar que a nivel de Latinoamérica las aplicaciones de las bacterias GE en el campo son limitadas debido a diversas implicaciones causadas por los factores ecológicos y ambientales, por ello, se recomienda realizar la aplicación de estudios a nivel de laboratorio y a gran escala sobre la biorremediación mediante microorganismos modificados genéticamente

Por último, se recomienda a los futuros investigadores realizar diversas evaluaciones comparativas del ciclo de vida de los microorganismos y estudios cuidadosos del campo que minimicen los riesgos del campo con los beneficios microbiológicos, para así, aumentar la eficiencia y las estrategias de optimización de los microorganismos modificados genéticamente.

REFERENCIAS

1. ACOSTA, C. A., et al. Evaluation of total phenol pollution in water of San Martin Canal from Santiago del Estero, Argentina. *Environmental Pollution*, 2018, vol. 236, p. 265-272. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2018.01.062>
2. ACHAKULWISUT, Pattanun, et al. Global, national, and urban burdens of paediatric asthma incidence attributable to ambient NO₂ pollution: estimates from global datasets. *The Lancet Planetary Health*, 2019, vol. 3, no 4, p. e166-e178. Disponible en: [https://doi.org/10.1016/S2542-5196\(19\)30046-4](https://doi.org/10.1016/S2542-5196(19)30046-4)
3. ADEOGUN, Aina O., et al. Intersex and alterations in reproductive development of a cichlid, *Tilapia guineensis*, from a municipal domestic water supply lake (Eleyele) in Southwestern Nigeria. *Science of the Total Environment*, 2016, vol. 541, p. 372-382. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2015.09.061>
4. ALAZI, Ebru, et al. Inducer-independent production of pectinases in *Aspergillus niger* by overexpression of the D-galacturonic acid-responsive transcription factor gaaR. *Applied microbiology and biotechnology*, 2018, vol. 102, no 6, p. 2723-2736. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s00253-018-8753-7>
5. ARTIOLA, J. F., et al. Soil and land pollution. En *Environmental and pollution science*. Academic Press, 2019. p. 219-235. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-814719-1.00014-8>
6. AYBEY, Aynur; DEMIRKAN, Elif. Inhibition of quorum sensing-controlled virulence factors in *Pseudomonas aeruginosa* by human serum paraoxonase. *Journal of medical microbiology*, 2016, vol. 65, no 2, p. 105-113. Disponible en: <https://doi.org/10.1099/jmm.0.000206>
7. AYMERIC, Girard; FRANÇOIS, Simon. Case study for Chile: The electric vehicle penetration in Chile. En *Electric Vehicles: Prospects and Challenges*. Elsevier, 2017. p. 245-285. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-803021-9.00007-0>

8. BANERJEE, Ramanuj; MONDAL, Sukanta. Issues and policies in animal genomics. En *Advances in Animal Genomics*. Academic Press, 2021. p. 237-257. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-820595-2.00015-1>
9. BIGLEY, Andrew N.; RAUSHEL, Frank M. The evolution of phosphotriesterase for decontamination and detoxification of organophosphorus chemical warfare agents. *Chemico-biological interactions*, 2019, vol. 308, p. 80-88. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.cbi.2019.05.023>
10. BÜYÜKTIRYAKI, Sibel, et al. Lab-on-chip platforms for environmental analysis. *Encyclopedia of Analytical Science*, 2019, p. 267-273. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-409547-2.14489-0>
11. CEBE, Kağan; BALAS, Lale. Monitoring and modeling land-based marine pollution. *Regional Studies in Marine Science*, 2018, vol. 24, p. 23-39. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2018.06.010>
12. CHAE, Yooeun; AN, Youn-Joo. Current research trends on plastic pollution and ecological impacts on the soil ecosystem: A review. *Environmental pollution*, 2018, vol. 240, p. 387-395. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2018.05.008>
13. CHANG, S., et al. Engineering tobacco to remove mercury from polluted soil. *Applied biochemistry and biotechnology*, 2016, vol. 175, no 8, p. 3813-3827. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s12010-015-1549-7>
14. CHEN, Dan; WANG, Hongyu; YANG, Kai. Effective biodegradation of nitrate, Cr (VI) and p-fluoronitrobenzene by a novel three dimensional bioelectrochemical system. *Bioresource technology*, 2016, vol. 203, p. 370-373. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.12.059>
15. CHOI, Mi Hee, et al. Efficient bioremediation of radioactive iodine using biogenic gold nanomaterial-containing radiation-resistant bacterium, *Deinococcus radiodurans* R1. *Chemical Communications*, 2017, vol. 53, no 28, p. 3937-3940. Disponible en: <https://doi.org/10.1039/C7CC00720E>

16. CHOWDHARY, Pankaj; RAJ, Abhay; BHARAGAVA, Ram Naresh. Environmental pollution and health hazards from distillery wastewater and treatment approaches to combat the environmental threats: a review. *Chemosphere*, 2018, vol. 194, p. 229-246. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2017.11.163>
17. CLEMENS, Maria, et al. Groundwater protection under water scarcity; from regional risk assessment to local wastewater treatment solutions in Jordan. *Science of the Total Environment*, 2020, vol. 706, p. 136066. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.136066>
18. CSUTAK, Ortansa; SARBU, Ionela. Genetically modified microorganisms: Harmful or helpful?. En *Genetically engineered foods*. Academic Press, 2018. p. 143-175. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-811519-0.00006-6>
19. DECKERS, Marie, et al. Genetically modified micro-organisms for industrial food enzyme production: an overview. *Foods*, 2020, vol. 9, no 3, p. 326. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/foods9030326>
20. D'INVERNO, Giovanna, et al. Water pollution in wastewater treatment plants: An efficiency analysis with undesirable output. *European Journal of Operational Research*, 2018, vol. 269, no 1, p. 24-34. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.ejor.2017.08.028>
21. DOMÈNECH, Cristina, et al. Evolution assessment of soils contaminated by roasted pyrite wastes. *Procedia Earth and Planetary Science*, 2017, vol. 17, p. 432-435. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.proeps.2016.12.109>
22. DOMINSKI, Fábio Hech, et al. Effects of air pollution on health: A mapping review of systematic reviews and meta-analyses. *Environmental Research*, 2021, vol. 201, p. 111487. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envres.2021.111487>
23. ELIBARIKI, Raheli; MAGUTA, Mihayo Musabila. Status of pesticides pollution in Tanzania—A review. *Chemosphere*, 2017, vol. 178, p. 154-164. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2017.03.036>

24. ESLAHI, Aida Vafae, et al. Global incidence of helminthic contamination of vegetables, cucurbits and fruits: a systematic review and meta-analysis. *Food Control*, 2022, vol. 133, p. 108582. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2021.108582>
25. FANDIÑO-DEL-RIO, Magdalena, et al. Household air pollution exposure and associations with household characteristics among biomass cookstove users in Puno, Peru. *Environmental research*, 2020, vol. 191, p. 110028. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envres.2020.110028>
26. FARNHAM, Kate R.; DUBE, Danielle H. A semester-long project-oriented biochemistry laboratory based on *Helicobacter pylori* urease. *Biochemistry and Molecular Biology Education*, 2016, vol. 43, no 5, p. 333-340. Disponible en: <https://doi.org/10.1002/bmb.20884>
27. GARCÍA-ESQUINAS, Esther; RODRÍGUEZ-ARTALEJO, Fernando. Environmental pollutants, limitations in physical functioning, and frailty in older adults. *Current environmental health reports*, 2017, vol. 4, no 1, p. 12-20. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s40572-017-0128-1>
28. GOGADA, Raghu, et al. Engineered *Deinococcus radiodurans* R1 with NiCoT genes for bioremoval of trace cobalt from spent decontamination solutions of nuclear power reactors. *Applied microbiology and biotechnology*, 2015, vol. 99, no 21, p. 9203-9213. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s00253-015-6761-4>
29. GRUBA, Piotr, et al. Tree species affects the concentration of total mercury (Hg) in forest soils: Evidence from a forest soil inventory in Poland. *Science of the total environment*, 2019, vol. 647, p. 141-148. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.07.452>
30. HUSSAIN, Imran, et al. Microbe and plant assisted-remediation of organic xenobiotics and its enhancement by genetically modified organisms and recombinant technology: a review. *Science of The Total Environment*, 2018, vol. 628, p. 1582-1599. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.02.037>

31. IRITI, Marcello, et al. Air pollution and health: the need for a medical reading of environmental monitoring data. *International journal of environmental research and public health*, 2020, vol. 17, no 7, p. 2174. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/ijerph17072174>
32. JAN, Sumira, et al. Genetic strategies for advancing phytoremediation potential in plants: a recent update. *Plant metal interaction*, 2016, p. 431-454. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-803158-2.00017-5>
33. JIANG, Rong, et al. Ecological risk evaluation of combined pollution of herbicide siduron and heavy metals in soils. *Science of the Total Environment*, 2018, vol. 626, p. 1047-1056. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.01.135>
34. JUNG, Se Ji; MEHTA, Jodhbir S.; TONG, Louis. Effects of environment pollution on the ocular surface. *The Ocular Surface*, 2018, vol. 16, no 2, p. 198-205. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jtos.2018.03.001>
35. KANG, Nam Kyu, et al. Increased lipid production by heterologous expression of AtWRI1 transcription factor in *Nannochloropsis salina*. *Biotechnology for biofuels*, 2017, vol. 10, no 1, p. 1-14. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s13068-017-0919-5>
36. KARALIS, Dimitrios T., et al. Genetically Modified Products, Perspectives and Challenges. *Cureus*, 2020, vol. 12, no 3. Disponible en: <https://doi.org/10.7759/cureus.7306>
37. KHAN, Atif, et al. Environmental pollution is associated with increased risk of psychiatric disorders in the US and Denmark. *PLoS biology*, 2019, vol. 17, no 8, p. e3000353. Disponible en: <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3000353>
38. KAUSHIK, Keshav, et al. Cybercriminal approaches in big data models for automated heavy vehicles. En *Autonomous and Connected Heavy Vehicle Technology*. Academic Press, 2022. p. 303-333. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-90592-3.00018-5>
39. KHAN, Jabbar, et al. Geo-statistical assessment of soil quality and identification of Heavy metal contamination using Integrated GIS and Multivariate statistical

analysis in Industrial region of Western India. *Environmental Technology & Innovation*, 2022, p. 102646. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.eti.2022.102646>

40. KHAN, Ali M., et al. Biodegradation of vapor-phase toluene in unsaturated porous media: Column experiments. *Environmental Pollution*, 2016, vol. 211, p. 325-331. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2016.01.013>
41. KHOMENKO, Sasha, et al. Premature mortality due to air pollution in European cities: a health impact assessment. *The Lancet Planetary Health*, 2021, vol. 5, no 3, p. e121-e134. Disponible en: [https://doi.org/10.1016/S2542-5196\(20\)30272-2](https://doi.org/10.1016/S2542-5196(20)30272-2)
42. KLEPAC, Petra, et al. Ambient air pollution and pregnancy outcomes: A comprehensive review and identification of environmental public health challenges. *Environmental research*, 2018, vol. 167, p. 144-159. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envres.2018.07.008>
43. KOTNIK, Tadej, et al. Electroporation-based applications in biotechnology. *Trends in biotechnology*, 2015, vol. 33, no 8, p. 480-488. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2015.06.002>
44. KUMAR, Manish; BORAH, Preetismita; DEVI, Pooja. Priority and emerging pollutants in water. En *Inorganic Pollutants in Water*. Elsevier, 2020. p. 33-49. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-818965-8.00003-2>
45. LAVRNIĆ, S.; ZAPATER-PEREYRA, M.; MANCINI, M. L. Water scarcity and wastewater reuse standards in Southern Europe: focus on agriculture. *Water, Air, & Soil Pollution*, 2017, vol. 228, no 7, p. 1-12. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s11270-017-3425-2>
46. LI, Chao, et al. Characterization of a protocatechuate catabolic gene cluster in *Rhodococcus ruber* OA1 involved in naphthalene degradation. *Annals of microbiology*, 2016, vol. 66, no 1, p. 469-478. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s13213-015-1132-z>
47. LOAIZA, I.; DE BOECK, G.; DE TROCH, M. Peruvian marine ecosystems under metal contamination: First insights for marine species consumption and

sustainable management. *Science of The Total Environment*, 2022, p. 154132.
Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.154132>

48. LUO, Quan, et al. Functional expression enhancement of *Bacillus pumilus* CotA-laccase mutant WLF through site-directed mutagenesis. *Enzyme and Microbial Technology*, 2018, vol. 109, p. 11-19. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.enzmictec.2017.07.013>
49. MACHI WAL, Deepesh, et al. Assessment and mapping of groundwater vulnerability to pollution: Current status and challenges. *Earth-Science Reviews*, 2018, vol. 185, p. 901-927. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.earscirev.2018.08.009>
50. MALLIKARJUNA, Nimgampalle; YELLAMMA, Kuna. Genetic and Metabolic Engineering of Microorganisms for the Production of Various Food Products. En *Recent Developments in Applied Microbiology and Biochemistry*. Academic Press, 2019. p. 167-182. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-816328-3.00013-1>
51. MANISALIDIS, Ioannis, et al. Environmental and health impacts of air pollution: a review. *Frontiers in public health*, 2020, p. 14. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fpubh.2020.00014>
52. MARÍN-BENITO, Jesús María, et al. Recycling organic residues in soils as amendments: effect on the mobility of two herbicides under different management practices. *Journal of environmental management*, 2018, vol. 224, p. 172-181. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2018.07.045>
53. NALLAR, Shreeram C.; XU, De-Qi; KALVAKOLANU, Dhan V. Bacteria and genetically modified bacteria as cancer therapeutics: Current advances and challenges. *Cytokine*, 2017, vol. 89, p. 160-172. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.cyto.2016.01.002>
54. PANDEY, Vimal Chandra; SINGH, Vijai. Exploring the potential and opportunities of current tools for removal of hazardous materials from environments. En *Phytomanagement of polluted sites*. Elsevier, 2019. p. 501-516. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-813912-7.00020-X>

55. PANT, Gaurav, et al. Biological approaches practised using genetically engineered microbes for a sustainable environment: a review. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, vol. 405, p. 124631. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.124631>
56. PATEL, Henny, et al. CRISPR-assisted strategies for futuristic phytoremediation. *En Assisted Phytoremediation*. Elsevier, 2022. p. 203-220. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-822893-7.00006-9>
57. PEETERS, Charlotte, et al. Comparative genomics of *Pandoraea*, a genus enriched in xenobiotic biodegradation and metabolism. *Frontiers in microbiology*, 2019, vol. 10, p. 2556. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02556>
58. PHILLIPS, Peter WB. Genetically modified organisms and the future global nutrient supply: part of the solution or a new problem?. *Hidden Hunger*, 2016, vol. 115, p. 153-163. Disponible en: <https://doi.org/10.1159/000442102>
59. POPA, Cristina; PETRUS, Mioara. Heavy metals impact at plants using photoacoustic spectroscopy technology with tunable CO₂ laser in the quantification of gaseous molecules. *Microchemical Journal*, 2017, vol. 134, p. 390-399. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.microc.2017.07.006>
60. PORTER, Stephanie S., et al. Association mapping reveals novel serpentine adaptation gene clusters in a population of symbiotic *Mesorhizobium*. *The ISME journal*, 2017, vol. 11, no 1, p. 248-262. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/ismej.2016.88>
61. PUZZOLO, Elisa; POPE, Daniel. Clean fuels for cooking in developing countries. *Encyclopedia of Sustainable Technologies*, 2017, p. 289-297. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-409548-9.10153-8>
62. RACAR, Marko, et al. Application of UF/NF/RO membranes for treatment and reuse of rendering plant wastewater. *Process Safety and Environmental Protection*, 2017, vol. 105, p. 386-392. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.psep.2016.11.015>

63. RAJAGOPALAN, Sanjay; AL-KINDI, Sadeer G.; BROOK, Robert D. Air pollution and cardiovascular disease: JACC state-of-the-art review. *Journal of the American College of Cardiology*, 2018, vol. 72, no 17, p. 2054-2070. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jacc.2018.07.099>
64. RAJALAKSHMI, A.; CHANDRASEKARAN, A.; RAVISANKAR, R. Soil pollution assessment in salt field area of Kelambakkam, Tamilnadu using different analytical techniques. *Acta Ecologica Sinica*, 2017, vol. 37, no 6, p. 373-378. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.chnaes.2017.04.003>
65. RAO, Maria A., et al. Biochar based remediation of water and soil contaminated by phenanthrene and pentachlorophenol. *Chemosphere*, 2017, vol. 186, p. 193-201. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2017.07.125>
66. RODRIGUEZ-ALVAREZ, Ana. Air pollution and life expectancy in Europe: Does investment in renewable energy matter?. *Science of the Total Environment*, 2021, vol. 792, p. 148480. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.148480>
67. ROMERO, Yovitza, et al. Quantifying and spatial disaggregation of air pollution emissions from ground transportation in a developing country context: Case study for the Lima Metropolitan Area in Peru. *Science of The Total Environment*, 2020, vol. 698, p. 134313. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.134313>
68. ROSÁRIO FILHO, Nelson Augusto, et al. Air pollution and indoor settings. *World Allergy Organization Journal*, 2021, vol. 14, no 1, p. 100499. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.waojou.2020.100499>
69. RUSHDI, Ahmed I., et al. Occurrence and sources of natural and anthropogenic lipid tracers in surface soils from arid urban areas of Saudi Arabia. *Environmental Pollution*, 2016, vol. 208, p. 696-703. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2015.10.049>
70. SACCOMANNO, Marta, et al. Biodegradation of pentafluorosulfanyl-substituted aminophenol in *Pseudomonas* spp. *Biodegradation*, 2018, vol. 29, no 3, p. 259-270. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s10532-018-9827-z>

71. SAMAKSAMAN, Ukrit, et al. Thermal treatment of soil co-contaminated with lube oil and heavy metals in a low-temperature two-stage fluidized bed incinerator. *Applied Thermal Engineering*, 2016, vol. 93, p. 131-138. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.applthermaleng.2015.09.024>
72. SARAVANAN, A., et al. Removal of toxic heavy metals using genetically engineered microbes: Molecular tools, risk assessment and management strategies. *Chemosphere*, 2022, p. 134341. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2022.134341>
73. SAYEED, M. M., et al. Re-use of Plastic Products–Materials Perspective. 2021. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-820352-1.00200-5>
74. SHACKIRA, A. M.; JAZEEL, K.; PUTHUR, Jos T. Phycoremediation and phytoremediation: Promising tools of green remediation. En *Sustainable Environmental Clean-up*. Elsevier, 2021. p. 221-293. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-823828-8.00013-X>
75. SHARMA, Pooja, et al. Metal and metal (loids) removal efficiency using genetically engineered microbes: applications and challenges. *Journal of Hazardous Materials*, 2021, vol. 416, p. 125855. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2021.125855>
76. SHENDELL, Derek. Community Outdoor Air Quality: Sources, Exposure Agents and Health Outcomes. Reference Module in Earth Systems and Environmental Sciences., 2019. p. 713-727. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-409548-9.11824-X>
77. SINGH, Utkarsh; ARORA, Naveen Kumar; SACHAN, Preeti. Simultaneous biodegradation of phenol and cyanide present in coke-oven effluent using immobilized *Pseudomonas putida* and *Pseudomonas stutzeri*. *Brazilian journal of microbiology*, 2018, vol. 49, p. 38-44. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.bjm.2016.12.013>
78. STANEK, Lindsay Wichers; BROWN, James S. Air pollution: sources, regulation, and health effects. 2019. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801238-3.11384-4>

79. STRAK, Maciej, et al. Long term exposure to low level air pollution and mortality in eight European cohorts within the ELAPSE project: pooled analysis. *bmj*, 2021, vol. 374. Disponible en: <https://doi.org/10.1136/bmj.n1904>
80. SUZUKI, Takafumi, et al. Environmental pollutants and the immune response. *Nature Immunology*, 2020, vol. 21, no 12, p. 1486-1495. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41590-020-0802-6>
81. TIDWELL, Thomas L. Nexus between food, energy, water, and forest ecosystems in the USA. *Journal of Environmental Studies and Sciences*, 2016, vol. 6, no 1, p. 214-224. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s13412-016-0367-8>
82. UKAOGO, Prince O.; EWUZIE, Ugochukwu; ONWUKA, Chibuzo V. Environmental pollution: causes, effects, and the remedies. En *Microorganisms for sustainable environment and health*. Elsevier, 2020. p. 419-429. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819001-2.00021-8>
83. UNDUGODA, L. J. S.; KANNANGARA, S.; SIRISENA, D. M. Genetic basis of naphthalene and phenanthrene degradation by phyllosphere bacterial strains *Alcaligenes faecalis* and *Alcaligenes* sp. 11SO. *J. Bioremediat. Biodegrad.*, 2016, vol. 7, no 2. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.4172/2155-6199.1000333>
84. VABRE, Pauline, et al. Environmental pollutants, a possible etiology for premature ovarian insufficiency: a narrative review of animal and human data. *Environmental Health*, 2017, vol. 16, no 1, p. 1-18. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s12940-017-0242-4>
85. VAN VLIET, Michelle TH, et al. Global water scarcity including surface water quality and expansions of clean water technologies. *Environmental Research Letters*, 2021, vol. 16, no 2, p. 024020. Disponible en: <https://doi.org/10.1088/1748-9326/abbfc3>
86. VIANA, Mar, et al. Air quality mitigation in European cities: Status and challenges ahead. *Environment International*, 2020, vol. 143, p. 105907. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envint.2020.105907>

87. WALEKAR, Laxman, et al. Functionalized fluorescent nanomaterials for sensing pollutants in the environment: A critical review. *TrAC Trends in Analytical Chemistry*, 2017, vol. 97, p. 458-467. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.trac.2017.10.012>
88. WANG, Jiayi; LU, Lei; FENG, Fujuan. Improving the indigo carmine decolorization ability of a *Bacillus amyloliquefaciens* laccase by site-directed mutagenesis. *Catalysts*, 2017, vol. 7, no 9, p. 275. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/catal7090275>
89. WANG, Que, et al. Encapsulins from *Ca. Brocadia fulgida*: An effective tool to enhance the tolerance of engineered bacteria (pET-28a-cEnc) to Zn²⁺. *Journal of Hazardous Materials*, 2022, p. 128954. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2022.128954>
90. WASEWAR, Kailas L. Process intensification in wastewater treatments: basics of process intensification and inorganic pollutants. En *Contamination of Water*. Academic Press, 2021. p. 313-337. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-824058-8.00011-6>
91. WEGMANN, Udo, et al. Use of genetically modified bacteria for drug delivery in humans: Revisiting the safety aspect. *Scientific reports*, 2017, vol. 7, no 1, p. 1-7. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41598-017-02591-6>
92. XU, Xin, et al. Environmental pollution and kidney diseases. *Nature Reviews Nephrology*, 2018, vol. 14, no 5, p. 313-324. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/nrneph.2018.11>
93. YADAV, Poonam; USHA, Kalidindi; SINGH, Bhupinder. Air pollution mitigation and global dimming: a challenge to agriculture under changing climate. En *Climate Change and Crop Stress*. Academic Press, 2022. p. 271-298. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-816091-6.00015-8>
94. YANG, Jing; ZHANG, Bing. Air pollution and healthcare expenditure: Implication for the benefit of air pollution control in China. *Environment international*, 2018, vol. 120, p. 443-455. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envint.2018.08.011>

95. ZEDLER, Julie AZ, et al. Pilot-scale cultivation of wall-deficient transgenic *Chlamydomonas reinhardtii* strains expressing recombinant proteins in the chloroplast. *Applied microbiology and biotechnology*, 2016, vol. 100, no 16, p. 7061-7070. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s00253-016-7430-y>
96. ZHANG, Rong, et al. Genetically engineered *Pseudomonas putida* X3 strain and its potential ability to bioremediate soil microcosms contaminated with methyl parathion and cadmium. *Applied microbiology and biotechnology*, 2016, vol. 100, no 4, p. 1987-1997. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s00253-015-7099-7>
97. ZHENG, Jiajia, et al. Analysis of air pollution reduction and climate change mitigation in the industry sector of Yangtze River Delta in China. *Journal of Cleaner Production*, 2016, vol. 114, p. 314-322. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2015.07.011>
98. ZHENG, Yi, et al. Transport mechanisms of soil-bound mercury in the erosion process during rainfall-runoff events. *Environmental Pollution*, 2016, vol. 215, p. 10-17. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2016.04.101>
99. ZUO, Zhenqiang, et al. Engineering *Pseudomonas putida* KT2440 for simultaneous degradation of organophosphates and pyrethroids and its application in bioremediation of soil. *Biodegradation*, 2015, vol. 26, no 3, p. 223-233. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s10532-015-9729-2>

ANEXOS

Anexo N° 1: Matriz de Categorización Apriorística

Objetivos específicos	Problemas específicos	Categoría	Subcategoría	Unidad de Análisis
Clasificar los tipos de microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales	¿Cuáles son los tipos de microorganismos modificados genéticamente para la degradación de contaminantes ambientales?	Tipos de microorganismos modificados (Pant G. et al., 2021, p.3)	-Bacterias -Hongos, algas	(Phillips P. et al., 2016, p.153), (Jiang R. et al., 2018, p.1), (Banerjee, R et al., 2021, p.238)
Identificar la expresión genética modificada de los microorganismos empleados para la degradación de contaminantes ambientales	¿Cuál es la expresión genética modificada de los microorganismos empleados para la degradación de contaminantes ambientales?	Expresión genética modificada de los microorganismos (Nallar S. et al., 2017, p.160)	-Gen degradador de SDS -Gen de lactano -Sitio dirigido mutagénicamente	(Wegmann U. et al., 2017, p.1), (Adeogun A. et al., 2016, p.1), (Deckers M. et al., 2020, p.1)
Determinar la función de los microorganismos modificados genéticamente en la degradación de contaminantes ambientales	¿Cuál es la función de los microorganismos modificados genéticamente en la degradación de contaminantes ambientales?	Función de los microorganismos modificados (Karalis. D. et al., 2020, p.1)	-Alta termoestabilidad, resistencia -Eficacia decolorante -Eficiencia decolorante -Eficiencia catalítica contra contaminantes ambientales	(Dominski F. et al., 2021, p.1), (Mallikarjuna, N. et al., 2019, p.167), (Csutak O. et al., 2018, p.1)

Anexo 2: Ficha de análisis de contenido

 UNIVERSIDAD CÉSAR VALLEJO	<i>FICHA DE RECOLECCIÓN DE DATOS</i>
---	---

TITULO:

PAGINAS UTILIZADAS	AÑO DE PUBLICACIÓN	LUGAR DE PUBLICACIÓN
TIPO DE INVESTIGACIÓN:		AUTOR (ES):
CÓDIGO		
METODOLOGÍA		
TECNOLOGÍAS MÁS USADAS		
TASA DE ELIMINACIÓN		
EFFECTOS DE LOS PHs		
RESULTADOS		
CONCLUSIONES:		