

Microorganismos resistentes a metales pesados en suelos contaminados de América Latina: revisión sistemática

*Heavy metal-resistant microorganisms in contaminated soils of Latin
America: a systematic review*

  Wilmar Arley Yepes López¹

  Sebastián Toro Duque¹

  Sonny N. González Correa¹

¹ Universidad de Antioquía, Medellín, Colombia

*Correspondencia:

Yepes López, Wilmar Arley

Fecha de recepción : 09/04/2026
Fecha de Revisión : 15/07/2026
Fecha de aceptación : 03/08/2026
Fecha de publicación : 11/08/2026

Como citar: Yepes López, W.A., González Correa, S.N. y Toro Duque, S. Microorganismos resistentes a metales pesados en suelos contaminados de América Latina: revisión sistemática. *Revista de Investigación Científica de la UNF-Aypate*, 5(2), 99 – 119. <https://doi.org/10.57063/ricay.v5i2.266>

RESUMEN

Introducción: La contaminación por metales pesados constituye uno de los principales desafíos ambientales en América Latina debido a su persistencia en los suelos y a su capacidad para modificar la estructura y el funcionamiento de las comunidades microbianas, con posibles repercusiones sobre la estabilidad de los ecosistemas y la salud pública. En este contexto, los microorganismos del suelo desempeñan un papel fundamental al desarrollar mecanismos de adaptación que favorecen la transformación, inmovilización o remoción de estos contaminantes.

Objetivo: Sintetizar la evidencia científica disponible sobre la diversidad microbiana, los mecanismos de resistencia y el potencial de aplicación en biorremediación de microorganismos asociados con suelos contaminados por metales pesados en América Latina.

Métodos: Se realizó una revisión sistemática conforme a la declaración PRISMA 2020. La búsqueda bibliográfica se efectuó en PubMed, Scopus y SciELO e incluyó publicaciones comprendidas entre 2011 y 2025, localizadas mediante estrategias estructuradas ejecutadas entre enero y marzo de 2026. Se seleccionaron estudios originales que caracterizaron microbiológicamente suelos contaminados por metales pesados y la calidad metodológica se evaluó mediante las listas de verificación del Joanna Briggs Institute, adaptadas al diseño de cada investigación.

Resultados: La estrategia de búsqueda identificó 210 registros, de los cuales 14 estudios cumplieron los criterios de elegibilidad y fueron incorporados en la síntesis cualitativa. La producción científica se concentró principalmente en México y Colombia y evidenció una amplia diversidad de bacterias y hongos adaptados a ambientes contaminados, con

predominio de los géneros *Bacillus*, *Pseudomonas* y *Acidithiobacillus*. Los mecanismos de resistencia descritos con mayor frecuencia incluyeron biosorción, sistemas de eflujo, bioacumulación y biotransformación, mientras que los estudios basados en herramientas moleculares y metagenómicas identificaron una mayor diversidad microbiana y genes relacionados con la resistencia a metales, entre ellos *ars*, *mer* y *czc*, ampliando la comprensión del resistoma ambiental y de las funciones ecológicas asociadas con estas comunidades.

Conclusiones: La adaptación del microbioma del suelo frente a la contaminación por metales pesados responde a procesos ecológicos y funcionales complejos que sustentan el potencial de las comunidades microbianas para la biorremediación de ambientes contaminados. No obstante, la limitada incorporación de enfoques moleculares y multiómicos en los estudios realizados en América Latina evidencia la necesidad de fortalecer investigaciones interdisciplinarias que integren microbiología ambiental, ecología microbiana y el enfoque One Health para mejorar la comprensión y el aprovechamiento de estos procesos.

Palabras clave: Metales pesados; microbioma del suelo; resistoma; biorremediación; América Latina.

ABSTRACT

Background: Heavy metal contamination is one of the major environmental challenges affecting soils across Latin America because of the long-term persistence of these contaminants and their capacity to alter the structure and functioning of soil microbial communities, with potential consequences for ecosystem stability and public health. Within this context, soil microorganisms play a central ecological role by developing adaptive mechanisms that promote the transformation, immobilization, and removal of toxic metals.

Objective: To synthesize the available scientific evidence regarding microbial diversity, resistance mechanisms, and the bioremediation potential of microorganisms associated with heavy metal-contaminated soils in Latin America.

Methods: A systematic review was conducted following the PRISMA 2020 statement. Literature searches were performed in PubMed, Scopus, and SciELO, covering studies published between 2011 and 2025, with searches conducted from January to March 2026. Original studies reporting the microbiological characterization of contaminated soils were included, and methodological quality was assessed using Joanna Briggs Institute critical appraisal tools according to the design of each study.

Results: The search strategy identified 210 records, of which 14 studies met the eligibility criteria and were included in the qualitative synthesis. Scientific evidence was concentrated mainly in Colombia and Mexico and revealed a broad diversity of bacterial and fungal taxa adapted to contaminated environments, particularly *Bacillus*, *Pseudomonas*, and *Acidithiobacillus*. The most frequently reported resistance mechanisms included biosorption, efflux systems, bioaccumulation, and biotransformation, whereas molecular and metagenomic approaches disclosed a broader microbial diversity together with resistance genes such as *ars*, *mer*, and *czc*, providing new insights into the environmental resistome and the ecological functions of soil microbial communities under metal stress.

Conclusions: Soil microbial adaptation to heavy metal contamination reflects complex ecological and functional processes that support the potential use of microbial communities for bioremediation. However, the limited implementation of molecular and multi-omics approaches in Latin American studies highlights the need for interdisciplinary research integrating environmental microbiology, microbial ecology, and the One Health framework to advance both scientific knowledge and environmental applications.

Keywords: Heavy metals; soil microbiome; resistome; bioremediation; Latin America.

1. INTRODUCCIÓN

La contaminación por metales pesados representa uno de los principales desafíos ambientales debido a la persistencia de estos elementos en el suelo y a su capacidad para alterar el funcionamiento de los ecosistemas. En América Latina, la expansión de actividades mineras, agrícolas e industriales ha favorecido el incremento de metales y metaloides en diferentes tipos de suelo, generando cambios en sus propiedades físicoquímicas y en la dinámica de las comunidades microbianas que los habitan (1–3). Debido a su escasa degradación y elevada estabilidad, elementos como el arsénico, el cadmio, el plomo y el mercurio permanecen durante largos periodos en el ambiente, facilitando su acumulación y modificando procesos ecológicos fundamentales (2,3).

Los microorganismos del suelo constituyen uno de los componentes más sensibles frente a estas condiciones de contaminación, donde la exposición continua a metales pesados favorece la selección de poblaciones microbianas capaces de desarrollar mecanismos adaptativos que incrementan su supervivencia en ambientes con alta carga metálica.

Entre los mecanismos descritos se encuentran la biosorción, la bioacumulación, los sistemas de eflujo, la biotransformación y la expresión de genes asociados con la resistencia a metales, procesos que, además de permitir la persistencia microbiana, modifican la movilidad y la biodisponibilidad de estos contaminantes en el suelo (4–8).

La importancia de estas adaptaciones trasciende el ámbito ecológico, donde diversos estudios han señalado que los ambientes contaminados con metales pesados pueden ejercer una presión selectiva sobre las comunidades microbianas, favoreciendo la persistencia de determinantes genéticos relacionados con la resistencia; aunque la presente revisión no evalúa desenlaces clínicos ni la transmisión de estos mecanismos hacia microorganismos de importancia médica, este fenómeno resalta el interés de estudiar los suelos contaminados desde una perspectiva de salud ambiental e integrarlos dentro del enfoque One Health, que reconoce la estrecha relación entre los componentes ambiental, animal y humano (6,9,10).

Durante la última década se ha incrementado el número de

investigaciones dirigidas a caracterizar microorganismos resistentes a metales pesados en diferentes países de América Latina; sin embargo, la evidencia continúa dispersa entre diversos escenarios ambientales, metodologías microbiológicas y tipos de suelo, lo que dificulta obtener una visión integrada sobre la diversidad microbiana, los mecanismos de resistencia predominantes y las aplicaciones potenciales en biorremediación. La integración sistemática de esta información constituye un paso necesario para identificar tendencias de investigación, reconocer vacíos de conocimiento y proporcionar una síntesis que facilite la interpretación de la evidencia disponible.

Con base en lo anterior, el objetivo de la presente revisión sistemática fue sintetizar la evidencia científica disponible sobre microorganismos resistentes a metales pesados en suelos de América Latina, considerando la diversidad microbiana reportada, los mecanismos de resistencia descritos y sus aplicaciones potenciales en procesos de biorremediación.

2. MATERIALES Y MÉTODOS

Diseño del estudio

Se realizó una revisión sistemática de la literatura con el propósito de sintetizar la evidencia científica disponible sobre microorganismos resistentes a metales pesados en suelos de América Latina, teniendo

presente el diseño, el desarrollo y el reporte del estudio siguieron las recomendaciones de la guía Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA 2020), garantizando un proceso metodológico transparente, sistemático y reproducible (11).

La pregunta de investigación se estructuró mediante la estrategia PECO, donde la población (P) correspondió a suelos localizados en países de América Latina; la exposición (E) incluyó la presencia de metales pesados y metaloides de importancia ambiental reportados en los estudios primarios; no se estableció grupo comparador (C); y el desenlace (O) comprendió la identificación de microorganismos resistentes, los mecanismos de resistencia descritos y sus aplicaciones potenciales en procesos de biorremediación.

El protocolo metodológico fue definido antes del inicio de la búsqueda bibliográfica e incluyó la formulación de la pregunta de investigación, los criterios de elegibilidad, la estrategia de búsqueda, el proceso de selección de los estudios, la extracción de la información y la estrategia de síntesis. Debido a la naturaleza de la revisión, el protocolo no fue registrado en una plataforma pública.

Estrategia de búsqueda bibliográfica

La búsqueda bibliográfica se realizó entre enero y marzo de 2026 en las bases de datos PubMed, Scopus y SciELO. Para cada base de datos se diseñaron estrategias específicas utilizando términos controlados (MeSH

y DeCS, cuando estuvieron disponibles) y palabras clave relacionadas con metales pesados, microbiología del suelo, resistencia microbiana y América Latina, combinadas mediante operadores booleanos. Las estrategias de búsqueda fueron adaptadas a la sintaxis de cada base de datos y las cadenas completas se presentan en el Material Suplementario 1, con el fin de garantizar la reproducibilidad de la revisión.

Las referencias recuperadas fueron organizadas y depuradas mediante los gestores bibliográficos Mendeley y Zotero. Posteriormente, el proceso de cribado de títulos, resúmenes y textos completos se realizó utilizando la plataforma Rayyan.

Criterios de elegibilidad

Se incluyeron artículos originales publicados entre 2011 y 2025, revisados por pares, desarrollados en países de América Latina y orientados a la caracterización microbiológica de suelos contaminados mediante métodos de cultivo, técnicas moleculares o aproximaciones metagenómicas (12,13).

Para esta revisión, se consideró como suelo contaminado aquel descrito por los autores como afectado por actividades mineras, agrícolas, industriales, urbanas u otras fuentes de contaminación y con evidencia de presencia de metales pesados o metaloides determinada mediante análisis fisicoquímicos o de acuerdo con los criterios establecidos por cada estudio primario.

Se excluyeron revisiones de la literatura, editoriales, cartas al editor, literatura gris, estudios realizados en matrices diferentes al suelo, investigaciones sin caracterización microbiológica y publicaciones sin acceso al texto completo.

Selección de los estudios

La selección de los estudios se desarrolló en tres etapas: eliminación de registros duplicados, evaluación de títulos y resúmenes y revisión del texto completo de los artículos potencialmente elegibles, en consecuencia, el proceso fue realizado de manera independiente por tres investigadores, quienes aplicaron los criterios de elegibilidad previamente establecidos y las discrepancias fueron discutidas y resueltas mediante consenso, y por último el proceso completo de selección se presenta en el diagrama de flujo PRISMA 2020.

Extracción de la información

La extracción de la información se efectuó mediante una matriz previamente diseñada para esta revisión y revisada por los investigadores antes de su aplicación, donde se registraron variables relacionadas con el país de estudio, tipo de suelo, metales evaluados, microorganismos identificados, metodologías microbiológicas empleadas, mecanismos de resistencia descritos y aplicaciones reportadas. El formato de la matriz de extracción se presenta como Material Suplementario 2.

Evaluación de la calidad metodológica

La calidad metodológica de los estudios incluidos fue evaluada mediante las listas de verificación del Joanna Briggs Institute (JBI), seleccionadas de acuerdo con el diseño de cada investigación, continuando con la evaluación que fue realizada de manera independiente por los investigadores, considerando aspectos relacionados con la selección de las muestras, la validez de los métodos microbiológicos, la determinación de metales y la consistencia de los resultados. Cada criterio fue clasificado como "sí", "no", "incierto" o "no aplica", permitiendo una valoración global de la calidad metodológica de la evidencia incluida.

Síntesis de la evidencia

La heterogeneidad observada en los diseños de estudio, los tipos de suelo analizados, las metodologías microbiológicas empleadas y los desenlaces reportados impidió realizar un metaanálisis, en consecuencia, los hallazgos se integraron mediante una síntesis narrativa con enfoque temático y la información se organizó según la distribución geográfica de los estudios, la diversidad microbiana

identificada, los mecanismos de resistencia descritos y las aplicaciones potenciales en biorremediación, con el propósito de identificar patrones consistentes, diferencias metodológicas y vacíos de conocimiento.

3. RESULTADOS

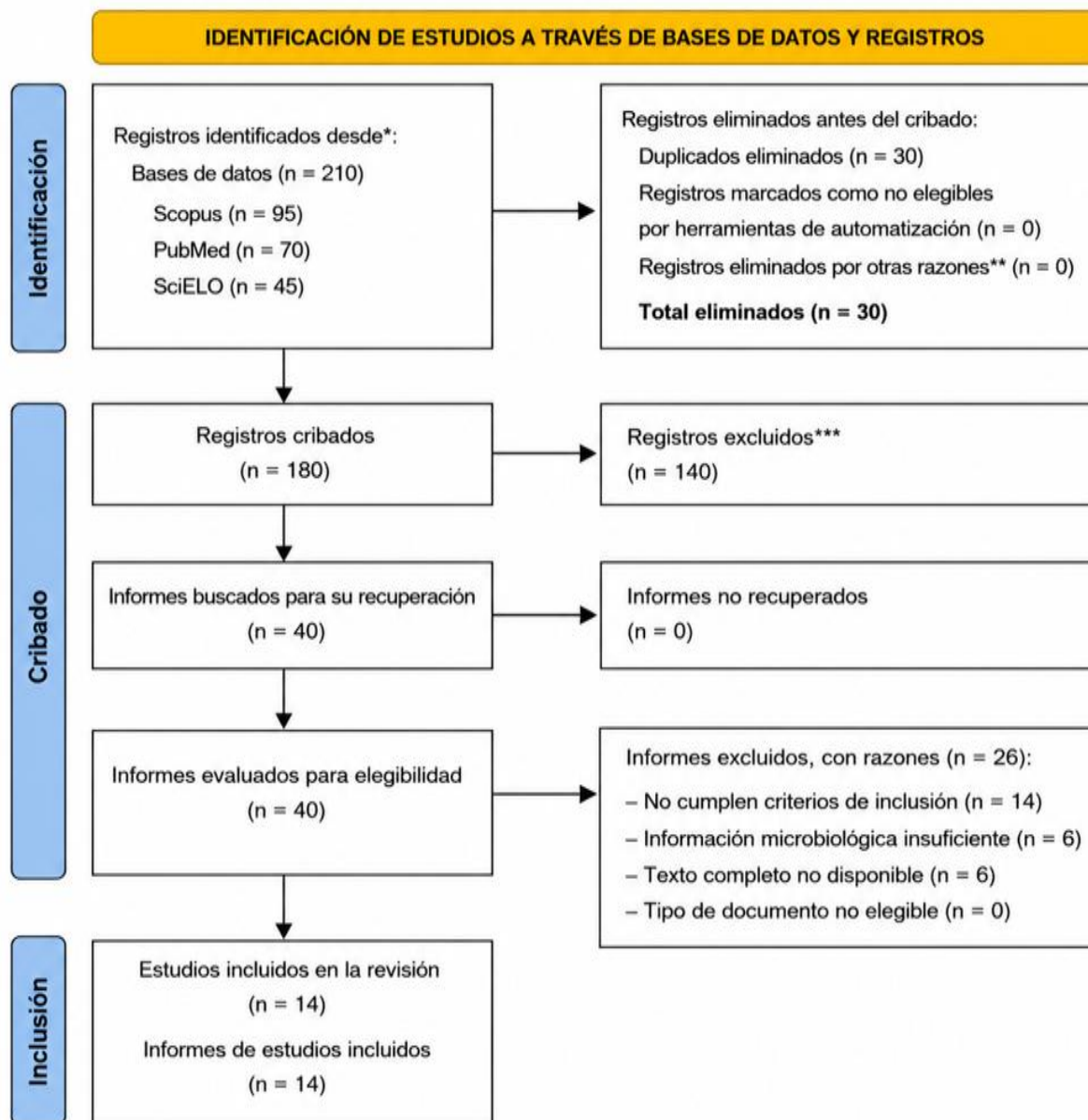
Proceso de selección de datos

La estrategia de búsqueda permitió identificar inicialmente 210 registros en las bases de datos PubMed, Scopus y SciELO, tras la eliminación de 30 registros duplicados, se sometieron a cribado 180 títulos y resúmenes, de los cuales 140 fueron excluidos por no cumplir los criterios de elegibilidad previamente establecidos; posteriormente, 40 artículos fueron evaluados mediante revisión de texto completo; durante esta etapa se excluyeron 26 estudios, principalmente por no abordar microorganismos asociados con suelos contaminados por metales pesados, presentar información insuficiente para la extracción de datos o no ajustarse al objetivo de la revisión y finalmente, 14 estudios cumplieron todos los criterios de inclusión y fueron incorporados en la síntesis cualitativa de la evidencia (Figura 1).

Figura 1

Selección de la evidencia de estudios en la revisión sistemática conforme a PRISMA 2020

Figura 1. Diagrama de flujo del proceso de selección de estudios según la declaración PRISMA 2020.



* Se informa el número de registros identificados en cada base de datos.

** Registros eliminados antes del cribado por razones distintas a duplicados (p. ej., por herramientas de automatización).

*** Registros excluidos durante la evaluación de títulos y resúmenes.

Fuente: Elaboración propia siguiendo el modelo propuesto por Page MJ, McKenzie JE, Bossuyt PM, et al.
The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews.
BMJ. 2021;372:n71. doi:[10.1136/bmj.n71](https://doi.org/10.1136/bmj.n71).

Tabla 1

Características generales de los estudios incluidos en la revisión sistemática

ID	Autor (año)	País	Ambiente de estudio	Metal(es) evaluado(s)	Microorganismos predominantes	Métodos principales	Hallazgo principal
1	Rojas-Solís et al. (2023)	México	Relaves mineros/rizósfera	As, Hg	Bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR)	Cultivo, perfil de ácidos grasos, ensayos de tolerancia	Identificación de rizobacterias tolerantes con potencial para fitorremediación de suelos contaminados.
2	López-Pérez et al. (2021)	México	Agricultura y minería	As	Bacterias y hongos	Secuenciación 16S/18S rRNA, análisis metagenómico	Mayor diversidad bacteriana en suelos agrícolas y mayor diversidad fúngica en suelos mineros contaminados con arsénico.
3	Altimira et al. (2012)	Chile	Agricultura	Cu	Bacterias	Cultivo, DGGE, secuenciación 16S rRNA, PCR (<i>copA</i>)	Caracterización de bacterias resistentes a cobre y análisis de la estructura de comunidades bacterianas.
4	Feria-Cáceres et al. (2021)	Colombia	Cultivos de cacao	Cd	Comunidades bacterianas y bacterias cultivables	Cultivo, secuenciación 16S rRNA, análisis multivariado	Persistencia de comunidades bacterianas resistentes al cadmio en diferentes condiciones edáficas.

ID	Autor (año)	País	Ambiente de estudio	Metal(es) evaluado(s)	Microorganismos predominantes	Métodos principales	Hallazgo principal
5	Feria-Cáceres et al. (2022)	Colombia	Cultivos de cacao	Cd	Bacterias	Cultivo, FT-IR, ICP-OES, TEM/EDS	Evaluación de bacterias nativas con capacidad de inmovilizar cadmio.
6	Córdoba-Novoa et al. (2023)	Colombia	Cultivos de cacao	Cd	Bacterias y hongos	Cultivo, secuenciación 16S rRNA e ITS	Identificación de microorganismos nativos tolerantes al cadmio con potencial para biorremediación.
7	Bravo et al. (2022)	Colombia	Cultivos de cacao	Cd	Comunidades bacterianas	Microcalorimetría, PCR, qPCR, ICP-OES	Demostración de inmovilización de cadmio y detección de genes relacionados con tolerancia.
8	Aguilar et al. (2019)	Brasil	Minería de oro	As	Bacterias	Cultivo, secuenciación 16S rRNA, bioacumulación	Aislamiento de bacterias con elevada capacidad de bioacumular arsénico.
9	Giovanella et al. (2016)	Brasil	Suelo contaminado	Hg	<i>Pseudomonas</i> spp.	Cultivo, ensayos de remoción, actividad <i>MerA</i>	Remoción de mercurio y caracterización de la actividad mercurio reductasa.

ID	Autor (año)	País	Ambiente de estudio	Metal(es) evaluado(s)	Microorganismos predominantes	Métodos principales	Hallazgo principal
10	Silva-Aguilar et al. (2022)	México	Minería	Pb	Consorcio bacteriano	Cultivo, biosorción, secuenciación	Consorcio bacteriano con elevada capacidad de remoción de plomo mediante biosorción.
11	Carvajal et al. (2023)	Chile	Minería e industria	Cu	Hongos filamentosos	Cultivo, bioensayos, remoción ex situ	Hongos con capacidad de remover cobre en condiciones experimentales.
12	Ramos-Garza et al. (2016)	México	Rizósfera agrícola	As, Pb, Zn, Cu	Levaduras	Cultivo, secuenciación ITS/26S	Levaduras resistentes a múltiples metales con características promotoras del crecimiento vegetal.
13	Villegas-Torres et al. (2011)	Colombia	Suelo contaminado con arsénico y petróleo	As	Bacterias	Cultivo, PCR (<i>arsC</i>), secuenciación 16S rRNA	Evidencia de transferencia horizontal del gen <i>arsC</i> entre bacterias del suelo.
14	Wevar Oller et al. (2013)	Argentina	Rizósfera de soja	As	Bacterias	Cultivo, identificación molecular, ICP-OES	Bacterias resistentes a arsénico con rasgos promotores del crecimiento vegetal.

Nota. La información presentada corresponde a los 14 estudios incluidos en la síntesis cualitativa. Los estudios se organizaron según el primer autor y el año de publicación. Los métodos principales corresponden a las técnicas empleadas para la identificación microbiológica y la caracterización de microorganismos resistentes a metales pesados. Un mismo estudio pudo evaluar más de un metal y emplear múltiples métodos analíticos.

Diversidad microbiana identificada

La evidencia sintetizada mostró una amplia diversidad de microorganismos asociados con suelos contaminados por metales pesados. Entre las bacterias más frecuentemente reportadas destacaron los géneros *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Burkholderia*, *Enterobacter*, *Paenibacillus*, *Lysinibacillus*, *Sphingomonas*, *Stenotrophomonas* y *Arthrobacter*, mientras que entre los hongos sobresalieron *Trichoderma*, *Mortierella*, *Clonostachys*, *Penicillium*, *Metarhizium*, *Annulohyphomyces*, *Cryptococcus*, *Rhodotorula* y *Exophiala* (Tabla 1).

Los estudios que incorporaron herramientas de secuenciación y metagenómica identificaron, además, una mayor diversidad de comunidades microbianas, con predominio de los filos *Proteobacteria* y *Acidobacteria*, así como una representación importante de *Ascomycota* y *Basidiomycota* en los estudios dirigidos a comunidades fúngicas, estos enfoques permitieron detectar microorganismos que no fueron recuperados mediante métodos convencionales de cultivo (Tabla 1).

Mecanismos de resistencia a metales pesados

Los estudios incluidos documentaron diversos mecanismos mediante los cuales los microorganismos sobreviven y se adaptan a ambientes contaminados por metales pesados; también los mecanismos demostrados experimentalmente comprendieron tolerancia a elevadas concentraciones de metales, bioacumulación, bioadsorción, inmovilización, biomineralización, remoción de metales y procesos específicos como la reducción de As(V) a As(III) y la reducción enzimática de Hg^{2+} mediante mercurio reductase (Tabla 2).

En relación con los mecanismos moleculares, únicamente cuatro estudios evaluaron genes de resistencia, en donde entre ellos se identificaron experimentalmente los genes *arsC*, *arsB*, *merA*, *cadA*, *smt* y *copA*, asociados con resistencia a arsénico, mercurio, cadmio y cobre, respectivamente; en contraste, la mayoría de las investigaciones se centró en la caracterización fisiológica y funcional de microorganismos resistentes sin explorar los determinantes genéticos involucrados (Tabla 2).

Tabla 2

Mecanismos de resistencia y aplicaciones identificadas

Mecanismo de resistencia	Evidencia encontrada en los estudios	Estudios que lo reportan	Aplicación potencial
Biosorción	Adsorción de metales en la superficie celular mediante componentes de la pared celular y exopolisacáridos	Rojas-Solís et al. (2023); Carvajal et al. (2023); Silva-Aguilar et al. (2023)	Biorremediación de suelos contaminados
Bioacumulación	Acumulación intracelular de metales en microorganismos tolerantes	Aguilar et al. (2019); Wevar Oller et al. (2013)	Remoción de metales y disminución de la biodisponibilidad
Biotransformación	Reducción y transformación química de metales, especialmente arsénico	Villegas-Torres et al. (2011); Giovanella et al. (2016)	Detoxificación de metales y metaloides
Sistemas de eflujo	Expulsión activa de metales mediante proteínas transportadoras	Altimira et al. (2012); López-Pérez et al. (2021)	Supervivencia en ambientes altamente contaminados
Biooxidación / Bioleaching	Oxidación microbiana de minerales y movilización de metales	Carvajal et al. (2023)	Recuperación de metales y minería biotecnológica

Nota. Se presentan únicamente los mecanismos de resistencia demostrados experimentalmente en los estudios incluidos. Debido a la heterogeneidad en la caracterización molecular, los genes de resistencia se describen narrativamente en los Resultados y la Discusión.

Aplicaciones potenciales en biorremediación

La mayor parte de los estudios (78,6 %) planteó aplicaciones orientadas a la biorremediación de suelos contaminados por metales pesados,

mientras que un menor número evaluó estrategias de fitorremediación mediante microorganismos promotores del crecimiento vegetal o abordó aspectos relacionados con la restauración ecológica de ecosistemas degradados (Tabla 3).

Tabla 3

Síntesis cuantitativa de los estudios incluidos

A. Distribución geográfica		
País	n	%
Colombia	5	35,7
México	4	28,6
Chile	2	14,3
Brasil	2	14,3
Argentina	1	7,1
Total	14	100
B. Ambientes evaluados		
Ambiente	n	%
Agrícola	8	57,1
Minero	4	28,6
Otros ambientes contaminados	2	14,3
Total	14	100
C. Metales evaluados		
Metal	Frecuencia*	
Arsénico (As)	6	
Cadmio (Cd)	4	
Cobre (Cu)	3	
Mercurio (Hg)	2	
Plomo (Pb)	2	
Zinc (Zn)	1	

*Un mismo estudio pudo evaluar más de un metal.

Las aplicaciones descritas se fundamentaron principalmente en procesos de bioacumulación, bioadsorción, inmovilización y transformación de metales, considerados alternativas biológicas para disminuir la movilidad y la biodisponibilidad de estos

contaminantes; no obstante, la mayoría de los estudios correspondió a investigaciones desarrolladas bajo condiciones de laboratorio o invernadero, por lo que la evidencia sobre su eficacia en escenarios reales de campo continúa siendo limitada (Tablas 1 y 2).

Síntesis de los principales hallazgos

En conjunto, la evidencia disponible muestra que los microorganismos presentes en suelos contaminados de América Latina poseen una amplia capacidad de adaptación frente a diferentes metales pesados y presentan un importante potencial para aplicaciones de biorremediación. La revisión también evidenció una evolución metodológica desde estudios basados exclusivamente en cultivo hacia investigaciones que incorporan herramientas moleculares y metagenómicas, permitiendo una caracterización más completa de las comunidades microbianas y de los mecanismos implicados en la resistencia a metales.

Asimismo, se identificó que la caracterización genética de la resistencia continúa siendo limitada en la región, ya que solo una proporción reducida de los estudios evaluó genes específicos asociados con estos procesos, este hallazgo pone de manifiesto la necesidad de integrar enfoques microbiológicos, moleculares y funcionales en futuras investigaciones para comprender de manera más integral la ecología y el potencial biotecnológico de los microorganismos resistentes a metales pesados.

4. DISCUSIÓN

La contaminación por metales pesados continúa siendo uno de los principales factores que alteran el equilibrio ecológico de los suelos y condicionan la estructura de las comunidades microbianas, teniendo presente que la síntesis realizada en esta revisión muestra que la investigación

desarrollada en América Latina se ha concentrado principalmente en Colombia y México, con un predominio de estudios realizados en ambientes agrícolas y mineros. Más allá de identificar microorganismos con capacidad de tolerar estos contaminantes, los trabajos analizados permiten comprender cómo la presión selectiva ejercida por los metales modifica la organización y el funcionamiento del microbioma del suelo. Esta perspectiva resulta particularmente relevante porque desplaza el interés desde la descripción de especies aisladas hacia la comprensión de los procesos ecológicos que sostienen la estabilidad y resiliencia de los ecosistemas contaminados; no obstante, las diferencias en los diseños experimentales, las metodologías de identificación y los criterios empleados para evaluar la resistencia dificultan la comparación directa entre investigaciones y explican la heterogeneidad observada en la literatura (14–16).

La diversidad microbiana observada confirma que la adaptación a metales pesados constituye una respuesta ampliamente distribuida entre distintos grupos taxonómicos; en donde los estudios revisados se describieron de manera recurrente bacterias pertenecientes a los géneros *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Burkholderia*, *Paenibacillus*, *Sphingomonas* y *Arthrobacter*, además de diversos hongos filamentosos y levaduras con capacidad para desarrollarse en ambientes sometidos a contaminación metálica. Sin embargo, estos hallazgos no deben interpretarse únicamente

como la presencia de microorganismos resistentes; en realidad, reflejan la capacidad del microbioma edáfico para reorganizarse frente a condiciones ambientales adversas, favoreciendo comunidades con funciones ecológicas que contribuyen a mantener procesos esenciales del suelo y la composición de estas comunidades depende de la interacción entre factores como el pH, el contenido de materia orgánica, las características fisicoquímicas del suelo y la biodisponibilidad de los metales, elementos que condicionan la selección de poblaciones con diferentes estrategias adaptativas (14,17,18).

Otro aspecto que merece destacarse es la evolución metodológica observada durante el periodo analizado, aunque las técnicas de cultivo continúan siendo la aproximación predominante en los estudios realizados en la región, la incorporación gradual de herramientas moleculares y enfoques metagenómicos ha ampliado de manera significativa la comprensión del microbioma del suelo; teniendo presente que estas metodologías permiten identificar microorganismos que permanecen invisibles para los métodos convencionales y, al mismo tiempo, explorar la organización funcional de comunidades completas. Como resultado, la investigación ha evolucionado desde una caracterización basada principalmente en la identificación taxonómica hacia un enfoque que integra composición microbiana, funciones metabólicas y respuesta ecológica frente a la contaminación por metales pesados (19–22).

Este cambio metodológico también ha transformado la forma de interpretar la resistencia microbiana, mientras los estudios basados exclusivamente en cultivo aportan información valiosa sobre microorganismos con potencial biotecnológico, las aproximaciones metagenómicas permiten reconstruir el funcionamiento del microbioma e identificar procesos metabólicos relacionados con la transformación de metales, la respuesta al estrés y la adaptación ambiental; en consecuencia, el interés científico ya no se limita a conocer qué microorganismos sobreviven en estos ambientes, sino a comprender cómo interactúan, qué funciones desempeñan y de qué manera contribuyen al mantenimiento de los procesos ecológicos del suelo. A pesar de estos avances, la aplicación de tecnologías ómicas sigue siendo limitada en América Latina, probablemente debido a las exigencias técnicas y económicas que implica su implementación; esta situación pone de manifiesto la necesidad de fortalecer las capacidades de investigación e impulsar colaboraciones que faciliten la incorporación de estas herramientas en estudios futuros (20–24).

La caracterización genética de la resistencia constituye otro aspecto que requiere mayor desarrollo, aunque algunos estudios identificaron genes como *arsC*, *arsB*, *copA*, *cadA*, *smt* y *merA*, la mayoría concentró sus esfuerzos en describir respuestas fisiológicas frente a la exposición a metales, sin profundizar en los mecanismos moleculares que las sustentan, se encontró que la literatura reciente muestra que los suelos contaminados albergan resistomas

ambientales complejos, integrados por genes relacionados con el transporte de metales, la detoxificación celular, la regulación metabólica y la respuesta al estrés oxidativo. Desde esta perspectiva, el resistoma representa una propiedad funcional del microbioma y no únicamente un conjunto de genes de resistencia aislados, es por esto que comprender esta dimensión resulta fundamental para explicar la capacidad adaptativa de las comunidades microbianas y su papel en la dinámica ecológica de los ecosistemas contaminados (23–27).

Los mecanismos de adaptación descritos en los estudios analizados reflejan la notable plasticidad funcional del microbioma del suelo frente a la contaminación por metales pesados, en donde la biosorción, la bioacumulación, la biotransformación, los sistemas de eflujo y los procesos de biooxidación fueron las respuestas más frecuentemente documentadas, aunque su importancia trasciende la simple supervivencia microbiana. Estas estrategias participan activamente en la regulación de la movilidad, la disponibilidad y la transformación de los metales dentro del suelo, influyendo sobre procesos biogeoquímicos esenciales para el funcionamiento del ecosistema y en consecuencia, la resistencia a metales debe entenderse como una propiedad funcional de comunidades microbianas adaptadas a condiciones de estrés prolongado y no únicamente como una característica inherente a determinados microorganismos. Esta visión resulta coherente con el conocimiento actual sobre la respuesta de los microbiomas

frente a perturbaciones ambientales y resalta el papel de las comunidades microbianas en la conservación de la funcionalidad de los suelos contaminados (23–27).

La integración de herramientas moleculares ha permitido ampliar esta interpretación al demostrar que la contaminación metálica no solo modifica la composición taxonómica de las comunidades, sino también su potencial funcional, revisando diversos estudios indicaron que la presión selectiva ejercida por los metales favorece la reorganización del resistoma ambiental, entendido como el conjunto de determinantes genéticos que participan en procesos de adaptación, transporte, detoxificación y regulación del estrés celular. Desde esta perspectiva, el resistoma constituye una expresión de la capacidad adaptativa del microbioma frente a condiciones ambientales adversas y representa un componente dinámico cuya composición depende de las características del ecosistema y de la intensidad de la presión selectiva. La limitada incorporación de enfoques metagenómicos en América Latina sugiere que esta dimensión funcional continúa insuficientemente explorada y constituye una de las principales oportunidades para fortalecer la investigación regional (24–28).

Otro aspecto que adquiere creciente relevancia es la interacción entre la contaminación por metales pesados y la dinámica de los genes asociados con la resistencia a los antimicrobianos; aunque esta revisión no tuvo como objetivo evaluar la resistencia

antimicrobiana, la literatura reciente coincide en señalar que determinados metales pueden favorecer la persistencia y dispersión de genes de resistencia mediante procesos de co-selección asociados con plásmidos, integrones y otros elementos genéticos móviles. Este fenómeno amplía las implicaciones ecológicas de la contaminación metálica y refuerza la necesidad de interpretar los suelos contaminados como reservorios dinámicos de diversidad genética; en este contexto, el enfoque One Health aporta un marco conceptual especialmente útil, al reconocer que la salud del suelo, la estabilidad de los ecosistemas y la salud humana forman parte de un sistema interdependiente en el que las alteraciones ambientales pueden repercutir sobre diferentes niveles de organización biológica (26–31).

Las aplicaciones descritas en los estudios revisados respaldan el potencial de las comunidades microbianas como componentes esenciales de estrategias de biorremediación, sin embargo, los resultados también muestran que la mayor parte de la evidencia procede de experimentos realizados bajo condiciones controladas, lo que limita la extrapolación directa a ecosistemas naturales. La eficacia de estas estrategias depende de la interacción entre microorganismos, plantas, propiedades fisicoquímicas del suelo y condiciones ambientales locales, factores que rara vez pueden reproducirse completamente en estudios de laboratorio, es por esto que más que considerar microorganismos individuales como herramientas aisladas para remover metales, los hallazgos

sugieren que el éxito de la biorremediación dependerá de la capacidad para restaurar funciones ecológicas desarrolladas por comunidades microbianas complejas, entendiendo que este enfoque permite comprender la biorremediación como un proceso de recuperación de la funcionalidad del ecosistema y no exclusivamente como una estrategia de eliminación de contaminantes (27–31).

La revisión presenta varias fortalezas que respaldan la solidez de sus resultados, como la aplicación rigurosa de las directrices PRISMA 2020, la definición explícita de los criterios de elegibilidad, la evaluación crítica de la calidad metodológica y el uso de una matriz estandarizada para la extracción de datos que contribuyeron a garantizar un proceso transparente y reproducible, además, la organización sistemática de la información permitió identificar patrones comunes, diferencias metodológicas y vacíos de conocimiento que difícilmente podrían reconocerse mediante la lectura aislada de los estudios individuales.

No obstante, algunas limitaciones deben considerarse al interpretar los hallazgos, como es la heterogeneidad de los diseños experimentales, las metodologías microbiológicas y los indicadores utilizados para evaluar la resistencia impidió realizar un metaanálisis y limitó la comparación cuantitativa entre investigaciones; a ello se suma la distribución desigual de la evidencia dentro de América Latina, con una concentración de estudios en pocos países y una escasa representación de otras regiones. Estas limitaciones ponen

de relieve la necesidad de promover investigaciones multicéntricas que adopten metodologías comparables, incorporen tecnologías multiómicas y evalúen el comportamiento de las comunidades microbianas en condiciones ambientales reales, fortaleciendo así la generación de evidencia aplicable a diferentes contextos ecológicos.

En conjunto, los hallazgos de esta revisión muestran que la contaminación por metales pesados trasciende el ámbito de la toxicología ambiental y constituye un factor capaz de reconfigurar la estructura y el funcionamiento del microbioma del suelo, al comprender esta respuesta desde una perspectiva ecológica y funcional permitirá avanzar hacia estrategias de restauración ambiental más eficientes, sustentadas en el conocimiento del resistoma, las interacciones microbianas y los procesos biogeoquímicos que regulan la resiliencia de los ecosistemas. En consecuencia, futuras investigaciones deberían integrar microbiología ambiental, ecología microbiana, biología molecular y salud ambiental para generar un marco de conocimiento que facilite el desarrollo de soluciones sostenibles bajo los principios del enfoque One Health.

5. CONCLUSIONES

La presente revisión sistemática integró la evidencia disponible sobre microorganismos resistentes a metales pesados en suelos contaminados de América Latina y mostró que la investigación regional se ha concentrado principalmente en ambientes agrícolas y mineros afectados por arsénico, cadmio,

cobre, mercurio y plomo, y que los estudios incluidos documentaron una amplia diversidad de bacterias y hongos capaces de desarrollar mecanismos de adaptación frente al estrés por metales, entre ellos biosorción, bioacumulación, biooxidación, sistemas de eflujo y procesos de transformación química, confirmando el papel de las comunidades microbianas en la dinámica de estos contaminantes.

La evidencia sintetizada también mostró un predominio de metodologías basadas en cultivo microbiológico, complementadas de forma limitada por herramientas moleculares y metagenómicas; aunque estas últimas permitieron una caracterización más amplia de la diversidad microbiana y de los genes asociados con la resistencia, su utilización continúa siendo poco frecuente en los estudios desarrollados en América Latina, lo que representa una oportunidad para fortalecer futuras investigaciones mediante enfoques integrados de microbiología ambiental.

Desde una perspectiva aplicada, los microorganismos resistentes identificados presentan un importante potencial para el desarrollo de estrategias de biorremediación orientadas a reducir la movilidad y la biodisponibilidad de metales pesados en suelos contaminados, sin embargo, la mayoría de las investigaciones disponibles corresponde a estudios experimentales realizados bajo condiciones controladas, por lo que aún es necesario generar evidencia sobre la eficacia, estabilidad y escalabilidad de estas estrategias en condiciones reales de campo.

Finalmente, esta revisión identifica vacíos relevantes en la literatura regional, particularmente en la integración de análisis funcionales, herramientas ómicas y evaluaciones ecológicas de largo plazo; mejorar el fortalecimiento de investigaciones interdisciplinarias que articulen microbiología ambiental, biotecnología y salud ambiental, permitirá comprender con mayor profundidad la respuesta de las comunidades microbianas frente a la contaminación por metales pesados y favorecerá el desarrollo de soluciones sostenibles para la recuperación de ecosistemas contaminados, en concordancia con los principios del enfoque One Health.

6. CONFLICTOS DE INTERÉS

Los autores no reportan conflictos de interés.

7. CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

W.A.Y.L.: Participó en el diseño del estudio, el análisis e interpretación de los datos, así como en la redacción del manuscrito y su revisión crítica.

S.N.G.C.: Apoyo metodológico y revisión del contenido.

S.T.D.: Análisis de datos y revisión final.

8. FINANCIAMIENTO

La presente investigación se desarrolló sin financiamiento externo.

9. DECLARACIÓN DE DISPONIBILIDAD DE DATOS

Los datos analizados durante esta revisión sistemática provienen

exclusivamente de estudios publicados e indexados en bases de datos PubMed, Scopus y SciELO. Toda la información utilizada está disponible en las publicaciones originales incluidas y en los materiales suplementarios del presente manuscrito. No se generaron datos primarios durante el desarrollo del estudio.

10. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Baker-Austin C, Wright MS, Stepanauskas R, McArthur JV. Co-selection of antibiotic resistance by metals. *Trends Microbiol.* 2016;24(4):176-186. doi:10.1016/j.tim.2016.02.010.

Banerjee S, Schläeppli K, van der Heijden MGA. Keystone taxa as drivers of microbiome structure and functioning. *Nat Rev Microbiol.* 2018;16(9):567-576. doi:10.1038/s41579-018-0045-6.

Bengtsson-Palme J, Kristiansson E, Larsson DGJ. Environmental factors influencing antibiotic resistance. *FEMS Microbiol Rev.* 2018;42:fux053. doi:10.1093/femsre/fux053.

Fashola MO, Ngole-Jeme VM, Babalola OO. Heavy metal pollution and soil microbial community: a review. *Int J Environ Res Public Health.* 2016;13(11):1077. doi:10.3390/ijerph13111077.

Flemming HC, Wingender J, Szewzyk U, Steinberg P, Rice SA, Kjelleberg S. Biofilms: an emergent form of bacterial life. *Nat Rev Microbiol.* 2016;14(9):563-575. doi:10.1038/nrmicro.2016.94.

- Gillings MR, Gaze WH, Pruden A, Smalla K, Tiedje JM, Zhu YG. Using the class 1 integron-integrase gene as a proxy for anthropogenic pollution. *ISME J.* 2015;9(6):1269-1279. doi:10.1038/ismej.2014.226.
- Goswami A, Kumari M, Mishra S, Jha B, Singh SP. Heavy metals and antibiotic resistance in soil microbiomes. *mSystems.* 2023;8(2):e01334-22. doi:10.1128/msystems.01334-22.
- Khan S, Afzal M, Iqbal S, Khan QM. Bioremediation of heavy metals by microbes. *J Hazard Mater.* 2021;413:125376. doi:10.1016/j.jhazmat.2021.125376.
- Knight R, Vrbanc A, Taylor BC, Aksenov A, Callewaert C, Debelius J, et al. Best practices for analysing microbiomes. *Nat Rev Microbiol.* 2018;16(7):410-422. doi:10.1038/s41579-018-0029-9.
- Li B, Yang Y, Ma L, Ju F, Guo F, Tiedje JM, et al. Metagenomic insights into soil microbial adaptation to heavy metals. *Sci Total Environ.* 2020;740:140095. doi:10.1016/j.scitotenv.2020.140095.
- Li J, Wang G, Mayes MA, Allison SD. Bacterial-fungal interactions under heavy metal stress. *Front Microbiol.* 2024;15:1395154. doi:10.3389/fmicb.2024.1395154.
- Liu J, Wang J, Chen Y, Zhang Y. Microbial mechanisms of heavy metal transformation in soils. *Environ Int.* 2019;128:475-487. doi:10.1016/j.envint.2019.04.059.
- Ma Y, Oliveira RS, Freitas H, Zhang C. Microbial biotechnology for heavy metal remediation. *Biotechnol Adv.* 2021;45:107652. doi:10.1016/j.biotechadv.2020.107652.
- Gillieatt BF, Coleman NV. Unravelling the mechanisms of antibiotic and heavy metal resistance co-selection in environmental bacteria. *FEMS Microbiol Rev.* 2024;48(4):fuae017. doi:10.1093/femsre/fuae017.
- Larsson DGJ, Flach CF. Antibiotic resistance in the environment. *Nat Rev Microbiol.* 2022;20(5):257-269. doi:10.1038/s41579-021-00649-x.
- Wang F, Fu YH, Sheng HJ, Topp E, Jiang X, Zhu YG, et al. Antibiotic resistance in the soil ecosystem: A One Health perspective. *Curr Opin Environ Sci Health.* 2021;20:100230. doi:10.1016/j.coesh.2021.100230.
- Han B, Ma L, Yu Q, Yang J, Su W, Hilal MG, et al. The source, fate and prospect of antibiotic resistance genes in soil: A review. *Front Microbiol.* 2022;13:976657. doi:10.3389/fmicb.2022.976657.
- Phurailatpam L, Dalal VK, Singh N, Mishra S. Heavy Metal Stress Alleviation Through Omics Analysis of Soil and Plant Microbiome. *Front Sustain Food Syst.* 2022;5:817932. doi:10.3389/fsufs.2021.817932.
- Tang H, Xiang G, Xiao W, Yang Z, Zhao B. Microbial mediated remediation of heavy metals toxicity: mechanisms and future prospects. *Front Plant Sci.* 2024;15:1420408. doi:10.3389/fpls.2024.1420408.

Delgado-Baquerizo M, Hu HW, Maestre FT, et al. The global distribution and environmental drivers of the soil antibiotic resistome. *Microbiome*. 2022;10(1):219. doi:10.1186/s40168-022-01405-w.

Sokol NW, Slessarev E, Marschmann GL, et al. Life and death in the soil microbiome: how ecological processes influence biogeochemistry. *Nat Rev Microbiol*. 2022;20(7):415-430. doi:10.1038/s41579-022-00695-z.

Martínez JL. Environmental pollution and antibiotic resistance. *Environ Pollut*. 2017;220(Pt A):980-986. doi:10.1016/j.envpol.2016.11.006.

Pal C, Bengtsson-Palme J, Kristiansson E, Larsson DGJ. The structure and diversity of human, animal and environmental resistomes. *Microbiome*. 2016;4(1):54. doi:10.1186/s40168-016-0199-5.

Quince C, Walker AW, Simpson JT, Loman NJ, Segata N. Shotgun metagenomics, from sampling to analysis. *Nat Biotechnol*. 2017;35(9):833-844. doi:10.1038/nbt.3935.

Rajkumar M, Ae N, Prasad MNV, Freitas H. Siderophores and metal detoxification revisited: implications for bioremediation. *Environ Sci Pollut Res Int*. 2016;23(1):223-234. doi:10.1007/s11356-015-5503-6.

Rojas-Solís D, Vences-Guzmán MA, Sohlenkamp C, Santoyo G, Valencia-Cantero E. Arsenic and mercury tolerant rhizobacteria: plant growth promotion and bioremediation potential. *PeerJ*. 2023;11:e14697. doi:10.7717/peerj.14697.

Sazykin IS, Minkina TM, Mandzhieva SS, Bauer TV, Burachevskaya MV, Chaplygin VA. Heavy metals influence on soil bacterial communities. *Agriculture (Basel)*. 2023;13(3):653. doi:10.3390/agriculture13030653.

Seiler C, Berendonk TU. Heavy metal driven co-selection of antibiotic resistance. *Environ Sci Technol*. 2019;53(20):117-123. doi:10.1021/acs.est.9b03720.

Wang L, Li J, Yang F, Raza W, Huang Q, Shen Q, et al. Advances in microbial bioremediation of heavy metals. *Chemosphere*. 2020;252:126562. doi:10.1016/j.chemosphere.2020.126562.

Zhang F, Li Y, Yang M, Li W, Zhang Y. Heavy metals and microbial distribution in contaminated soils. *Sci Total Environ*. 2024;900:174322. doi:10.1016/j.scitotenv.2024.174322.

Zhang Y, Zhao Z, Dai M, Jiao N, Herndl GJ. Soil resistome and microbial community responses to heavy metals. *Sci Total Environ*. 2021;778:146303. doi:10.1016/j.scitotenv.2021.146303.