







Área: Ciencias de la Vida

Disciplina: Ciencias de la Salud, Microbiología

Tipo de artículo: Artículo de revisión

Comamonas testosteroni, una breve revisión microbiológica.

Autores

Parra-Vera Henry Junior ^{a,b,c} , Buele-Chica Dayci
Colombia ^{a,b} , Jiménez-Jiménez Alex Daniel ^d ,
Altamirano-Rodas Diana Carolina ^d , Quinde-
Zambrano Roxana Marcela ^{d,e} , Morán-Vargas
César Antonio ^d .

Afiliación institucional

- a) Centro de Investigación Microbiológica (CIM), Ecuador.
- b) Universidad de Guayaquil, Ecuador.
- c) Universidad Técnica de Machala, Ecuador.
- d) Universidad Católica de Santiago de Guayaquil, Ecuador.
- e) Universidad de Guayaquil, Ecuador

Identificación de la responsabilidad y contribución de los autores

Los autores declaran haber contribuido de forma similar en la idea original, diseño del estudio, recolección de dato, análisis de datos, redacción del borrador y redacción del artículo.

Resumen

El género *Comamonas* está vinculado a la familia *Comamonadaceae*, perteneciente a la subdivisión Beta del filo proteobacteria; se caracteriza principalmente por mantener una morfología de tipo bastones rectos o espirilos ligeramente curvos con tinción gramnegativa, movilidad mediada por un flagelo polar, etc., y destaca su metabolismo estrictamente respiratorio, con la capacidad incluso de utilizar nitratos por parte de ciertas especies como fuente de energía; el microorganismo *Comamonas testosteroni*, descrito en 1956 y reclasificado en 1987 ha sido reportado como patógeno oportunista en diversas patologías de la especie humana, destacando bacteriemias por apendicitis, celulitis e incluso endocarditis o endoftalmitis, convirtiéndolo en un agente microbiológico de importancia.

Palabras clave: Comamonas; *Comamonas testosteroni*; Revisión; Literatura de Revisión como Asunto;

Correspondencia

Henry Jr. Parra Vera, Microbiólogo,
henryparra1970@gmail.com

Fecha de envío: 10/10/2021

Fecha de aprobación: 23/10/2021

Fecha de publicación: 05/01/2022

Fuente de financiamiento

Los autores no recibieron fondos específicos para este trabajo.

Conflicto de interés

Los autores declaran no tener conflictos de interés con la publicación de este artículo.

Citación sugerida

Parra Vera H, et al. *Comamonas testosteroni*, una breve revisión microbiológica. *Rev Cien Ec.* 2021;3(4); Pág. 1-9. doi: 10.23936/rce.v3i4.48.

*Comamonas testosteroni, a brief microbiological review***Abstract**

The genus *Comamonas* is related to the family *Comamonadaceae*, belonging to the Beta subdivision of the phylum *Proteobacteria*; it is characterized mainly by maintaining a morphology of straight rods or slightly curved spirillae with gram-negative staining, motility mediated by a polar flagellum, etc., and it's strictly respiratory metabolism, with the ability even to use nitrates by certain species as an energy source; the microorganism *Comamonas testosteroni*, described in 1956 and reclassified in 1987, has been reported as an opportunistic pathogen in various pathologies of the human species, highlighting bacteremia due to appendicitis, cellulitis and even endocarditis or endophthalmitis, making it an important microbiological agent.

Keywords: *Comamonas*; *Comamonas testosteroni*; Review; Review Literature as Topic;

Introducción

El género *Comamonas* junto a los géneros *Delftia* y *Acidovorax*, forma parte de la familia *Comamonadaceae*, la cual pertenece a la subdivisión Beta del filo *proteobacteria*, cuyos miembros presentan propiedades biológicas diferenciales, relacionadas principalmente con rasgos fisiológicos y/o ecológicos ⁽¹⁻³⁾. Los miembros de esta familia se caracterizan por que las células tienen forma de bastones rectos o espirilos ligeramente curvos, Gram negativos, en su mayoría poseen movilidad mediada por la presencia de un flagelo polar o mechones flagelares bipolares, no son formadores de endosporas, la formación de cuerpos cocoides es rara, siendo quimioorganotrofos o quimiolitotrofos facultativos, con oxidación de H₂ u oxidación de CO, poseen metabolismo estrictamente tipo de respiratorio, con el oxígeno como aceptor

Abstrato

O gênero *Comamonas* está relacionado à família *Comamonadaceae*, pertencente à subdivisão Beta do filo *Proteobactérias*; caracteriza-se principalmente por manter uma morfologia de hastes retas ou espirilas ligeiramente curvas com coloração gram-negativa, motilidade mediada por um flagelo polar, etc, e seu metabolismo estrictamente respiratório, com a capacidade até mesmo de utilizar nitratos por certas espécies como fonte de energia; o microorganismo *Comamonas testosteroni*, descrito em 1956 e reclassificado em 1987, tem sido relatado como um patógeno oportunista em várias patologias da espécie humana, destacando-se a bacteremia devido à apendicite, celulite e até mesmo endocardite ou endoftalmite, tornando-o um importante agente microbiológico.

Palavras-chave: *Comamonas*; *Comamonas testosteroni*; Revisão; Revisão de Literatura como Tópico;

terminal de electrones, pudiendo algunas especies utilizar nitratos ⁽³⁻⁶⁾.

El desarrollo tecnológico, la constante progresión del conocimiento mediante la investigación, y la apabullante cantidad de información disponible en publicaciones científicas y académicas por medio de internet, ha tornado importante el efectuar artículos de revisión, conocidos también como literatura de revisión como asunto, con la finalidad de sintetizar el conocimiento actualizado sobre temas de interés en las distintas disciplinas del saber ⁽⁷⁾. Es con esa visión que se propone la presente revisión acerca del microorganismo *Comamonas testosteroni*, el cual ha sido reportado como patógeno oportunista en seres humanos, lo que lo vuelve un agente microbiológico de importancia.

Desarrollo

Aspectos microbiológicos

La familia *Comamonadaceae* pertenece al filo *Proteobacterias*, clase *Betaproteobacteria*, orden *Bruehneriales*; al cual pertenecen los géneros *Comamonas*, *Acidovorax*, *Alicyciphilus*, *Aquabacterium*, *Brachymonas*, *Caldimonas*, *Delftia*, *Diaphorobacter*, *Hydrogenophaga*, *Ideonella*, *Leptothrix*, *Lampropedia*, *Macromonas*, *Polaromonas*, *Ramlibacter*, *Rhodiferax*, *Roseateles*, *Rubrivivax*, *Schlegelella*, *Sphaerotilus*, *Tepidimonas*, *Thiomonas*, *Variovorax*, *Xenophilus*, *Xylophilus* y *Xylophilus* ⁽⁴⁾. La subdivisión en diferentes géneros de *Comamonadaceae* se basa en datos de hibridación de ADN-ARNr, misma que se ha confirmado y extendido mediante secuenciación directa de sus genes de ARNr 16S amplificados por PCR ⁽⁸⁾.

El género *Comamonas* se compone 29 especies ⁽⁹⁾, se ha mencionado que el género como un desnitrificante en fase sólida en una comunidad microbiana de biopelícula, sobre varios tipos de material biodegradable ⁽¹⁰⁾. En su mayoría el género se conforma por ser quimioheterótrofos aeróbicos, no obstante, algunos de estos son anaerobios facultativos, usando nitrógeno o hierro férrico (Fe³⁺) como un aceptor de electrones alternativo y fuentes de energía ^(3,5,6,11).

La mayoría de los miembros de esta familia comparten al menos 94-95% de similitud en la secuencia de ADNr; son habitantes de agua, suelo y ambientes contaminados, siendo aislados regularmente en estudios ecológicos; comparten la capacidad de degradar compuestos orgánicos complejos y son de potencial utilidad en las aplicaciones de degradación y biorremediación, temas que son objeto de intensa investigación y de los que surgen muchos nuevos aislamientos, como el del estudio de Jackson y cols. (2012), en el cual se aislaron varios miembros de esta familia, especialmente *Comamonas testosteroni* WDL7 con resistencia al cobre, donde se evidenció la capacidad de las biopelículas para resistir contaminantes metálicos y su ventajosa utilidad en la biorremediación ^(4,12); cabe recalcar que esta especie en cuestión fue descrita originalmente como *Pseudomonas testosteroni* en 1956 ⁽¹³⁾, siendo reclasificada por Tamoaka y cols. en 1987 dentro del género *Comamonas* ⁽¹⁴⁾.

Aspectos fisiológicos y bioquímicos

Esta bacteria crece bien en agar nutritivo (que puede componerse Agar 15.0 g, Peptona 5.0g, extracto de carne 3.0 g, MnSO₄ x H₂O 0.01 g y agua destilada) y agar Columbia a 30 °C; estas bacterias son productoras de β-

Rev Cien Ec 2021;3(4)

doi: 10.23936/rce.v3i4.48

lactamasas, 9-alfa hidroxisteroide deshidrogenasa y β-hidroxisteroide deshidrogenasa, reductoras de nitrato, asimiladoras de gluconato, ácido cáprico, ácido adípico de asimilación, ácido málico, ácido cítrico, citocromo oxidasa positivo, aislado originalmente de una muestra de suelo, enriquecido con testosterona ⁽¹⁵⁾.

Marcus y Talalay referían en 1955 que estos microorganismos "son capaces de utilizar el C19-esteroides como su única fuente de carbono orgánico", mientras que Benach y cols. (2002), mencionan la presencia de 3beta y 17beta-hidroxisteroide deshidrogenasa (enzima NAD(H)-dependiente) un componente inducible por esteroides, los cuales catalizan la reducción o deshidrogenación reversible de los grupos oxido/β-hidroxi, de las posiciones 3 y 17 de los compuestos esteroides (oxido-reductasa con andrógenos, estrógenos y ácido isobúlico, así como actividad deshidrogenasa de morfina) ^(13,16).

Paca y cols. (2010), efectuaron un estudio con la cepa *C. testosteroni* Pb50 exponiendo las cepas bajo diferentes condiciones de estrés nutricional, utilizando fenol como única fuente de carbono y energía; concluyendo que la limitación de nutrientes minerales da como resultado la disminución de casi 10 veces en la tasa de respiración exógena, acercándose a los valores de la tasa de respiración endógena, lo cual produce un aumento de la afinidad celular y disminución de la toxicidad celular al fenol ⁽¹⁷⁾.

Este microorganismo puede hallarse en el medio ambiente, particularmente en el suelo y lodo ⁽¹⁸⁾. No obstante Muchesa y cols. (2017), efectuaron un estudio en redes de agua de hospitales de Johannesburgo, Sudáfrica; en el mismo, se tenía por objetivo el determinar la presencia de amebas potencialmente patógenas de vida libre y las bacterias asociadas a estas (debido a la correlación de estos protozoarios con la supervivencia, crecimiento y transmisión de bacterias en los sistemas de agua), de las 178 muestras tomadas entre agua e hisopados, de dos sistemas de distribución de agua de hospitales; y dentro de las especies más comúnmente detectadas, se encontró la *C. testosteroni*, junto a otros microorganismos, considerados patógenos, detectados tanto en infecciones sistémicas como locales (heridas quirúrgicas) ⁽¹⁹⁾.

C. testosteroni posee además quimiorreceptores transmembrana MCP2201, que desencadena la quimiotaxis (mecanismo que regula la movilidad de los microorganismos) hacia los intermedios del ciclo del ácido tricarbóxico, como el ácido

cítrico y los compuestos aromáticos, así Hong y cols., reportaron la estructura del dominio de unión a ligando periplásmico (LBD por sus siglas en inglés) del quimiorreceptor, es un homodímero de haz de cuatro hélices típico que adopta un 4HB pliegue ⁽²⁰⁾.

Huang y cols. (2019), demostraron que los receptores de la vía que controla la motilidad pueden interactuar físicamente con los componentes posteriores de la vía que controla la formación de biopelículas, y que una quinasa perteneciente a la vía involucrada en la motilidad también puede fosforilar un regulador de respuesta vinculado con la vía que controla la formación de biopelículas, proponiendo que la comunicación cruzada entre las vías quimiosensoriales puede desempeñar un papel en la coordinación de comportamientos complejos en las bacterias ⁽²¹⁾.

En el estudio efectuado en la cepa *C. testosteroni* denominada DB-7, que es capaz de emplear dimetilfitalato (DMP) como única fuente de carbono y energía para el crecimiento; dicho agente se aisló del suelo con cobertura de película plástica mediante una técnica de cultivo de enriquecimiento, con la delección de secuencias parciales de tres genes implicados en el metabolismo de ácido ftálico en DB-7 (que promete ser aplicado a la biorremediación de DMP debido a su alta eficiencia de degradación) ⁽²²⁾.

La cepa 3a2 de *Comamonas testosteroni* fue aislada del agua residual de la industria petroquímica, la cual posee la capacidad de degradar el ácido paratoluico (contaminante importante de las aguas residuales industriales); se observó que posterior a 14 horas la cepa fue capaz de degradar hasta 1000 mg/L del compuesto, registrándose el mayor rendimiento de degradación en presencia de extracto de levadura como fuente de nitrógeno, no obstante, fue registrada la formación de ácido tereftálico y ácido ftálico durante la degradación del ácido paratoluico por la cepa 3a2 ⁽²³⁾.

En un estudio de cepas degradadores de ligina de Kraft comprobó que aislados de *C. testosteroni* poseen esa propiedad ⁽²⁰⁾; el estudio de Nguyen y Ha (2019), efectuaron un estudio con biopelículas compuestas por dos especies bacterianas, *Comamonas testosteroni* cepa KT5 y *Bacillus subtilis* cepa DKT; se demostró *B. subtilis* promovía sinérgicamente *C. testosteroni* para el desarrollo de biopelículas, donde el crecimiento bacteriano en la biopelícula de las dos especies superó los efectos inhibidores causados por el monoclorobenceno y el 2-clorotolueno, lo cual mostró la degradabilidad efectiva hacia la mezcla de estos sustratos ⁽²⁴⁾.

Rev Cien Ec 2021;3(4)

doi: 10.23936/rce.v3i4.48

Otro estudio menciona la identificación y caracterización de un peptidoglucano asociado a proteína papA en *C. testosteroni*; la interrupción de papA en la cepa mutante CNB-1Δ, produjo que papA perdiera respuestas quimiotácticas, además de desencadenar una fase de crecimiento prolongada, menor flagelación y mayor sensibilidad a ambientes hostiles ⁽²⁵⁾.

Se presenta la identificación y caracterización de un peptidoglucano asociado a proteína papA en *C. testosteroni*, el cual se unió al peptidoglucano con su dominio C-terminal e interactuó con la porina OmpC de la membrana externa; cuando se interrumpió papA el mutante CNB-1Δ papA perdió respuestas quimiotáctica y mostro una fase de crecimiento prolongada menos flagelación y mayor sensibilidad a ambientes hostiles ⁽²⁶⁾.

Dentro de la evidencia recopilada se visualizó que la asociación de *C. testosteroni* con otras bacterias permite ampliar sus actividades metabólicas, como la hidrólisis del herbicida linuron en 3,4-dicloroanilina y N,O-dimetilhidroxilamina cuando se combinó con *Variovorax* sp. y *Hyphomicrobium sulfonivorans* WDL6, específicamente la cepa *C. testosteroni* WDL7 ⁽²⁷⁾. Wu y cols., (2015) efectuaron un diseño de biopelícula de *C. testosteroni* mediante la expresión constitutiva de YedQ, una c-di-GMP sintasa de *E. coli*, demostrando la biodegradación mejorada de contaminantes orgánicos gracias a la biopelícula diseñada ⁽²⁸⁾.

Sensibilidad antimicrobiana

Tartar y cols. (2018), detectaron en 94.3% de los aislamientos de bacterias Gram negativas, de estas 1.2% pertenecían a *Comamonas testosteroni*; las cepas aisladas fueron sensibles a carbapenémicos, quinolonas, macrólidos, piperacilina-tazobactam y trimetropin-sulfametoxazol en el 100% de los aislamientos, mientras que la susceptibilidad a ampicilina-sulbactam y ceftazidima se presentó en el 50%, y en las cepas aisladas no se evidencio susceptibilidad a ceftriaxona ⁽²⁹⁾.

Zhuang y cols. (2017), efectuaron análisis genómico de la cepa *C. testosteroni* S44, revelando el gen que codifica un regulador transcripcional de la familia LysR, familia de genes cuyos factores de transcripción han sido estudiados en su mayoría en *Escherichia coli*, donde los genes blancos influyen sobre la virulencia, el metabolismo, la detección de la densidad celular, motilidad, fijación de nitrógeno, respuestas al estrés oxidativo producción de toxinas, secreción entre otras ⁽³⁰⁾. El análisis efectuado a la cepa S44, dio como resultado el la detección del gen cual denominaron *czoR* (*czo* por cefazolina)

localizado en la parte superior de un gen codificador de β -lactamasas de clase A (denominado *czoA*), observando que la expresión de *czoA* fue inducida por 11 β -lactámicos y *czoR* fue inducida por 9 β -lactámicos, y transcrita constitutivamente con o sin cefuroxima y cefoxitina; *CzoR* actúa como un regulador positivo para *CzoA* es similar a los reguladores de tipo *LysR* reportados por otros autores ⁽³¹⁾.

La presencia de *czoA* torna a *C. testosteroni* en un microorganismo capaz de hidrolizar siete β -lactámicos (bencilpenicilina, ampicilina, cefalexina, cefazolina, cefuroxima, ceftriaxona y cefepima) siendo inhibida por tazobactam o ácido clavulánico, mientras que *iscR* actúa como regulador global de la respuesta al estrés oxidativo celular, concluyendo que el mismo regula la expresión de betalactamasas como *czoA* (relacionado con la remisión del estrés de la pared bacteriana), la delección *iscR* (Δ *iscR*) y Δ *czoR* tienen efectos sobre la susceptibilidad a cefalexina y cefazolina, como se observó en las cepas mutantes Δ *czoR* e *iscR* -280 donde los las zonas de inhibición con discos de Kirby-Bauer fueron más grandes en comparación con la cepa salvaje S44, observando que la restauración de los fenotipos de susceptibilidad a los antibióticos de las cepas complementadas, es decir una sensibilidad aumentada ⁽³¹⁾.

En un estudio efectuado en un granja de peces Koi enfermos, determino índices de resistencia >0.3 a múltiples antibióticos y la concentración inhibitoria mínima >256 μ g; no obstante todos los aislamientos presentaron sensibilidad a amoxicilina, kanamicina, cefepime, cefexima, cefotaxima, ceftazidima, doripenem, ciprofloxacina y norfloxacina ⁽³²⁾.

Correlación clínica

Múltiples casos clínicos en los cuales se ha aislado este microorganismo, han sido presentados, tanto de bacteriemias por apendicitis, asociada a catéter de hemodiálisis o a cuadro de celulitis, e inclusive endocarditis o endoftalmítis ⁽³³⁻³⁹⁾. Se ha documentado en diversos informes de caso, un intervalo de entre 8, 14 o 21 días de duración de los esquemas antibióticos empleados en el tratamiento clínico de seres humanos ^(34,36,37,40). Dentro de los métodos de cultivo implicados en las muestras clínicas se encuentran el agar sangre y Polyvitex bioMérieux, con ayuda del sistema Phoenix 100 para identificación de las especies, pero se debe acotar que bases de datos como API, Siemens, VITEK, ATB y BD, solo cuentan con dos registros de *Comamonadaceae* (*C.*

acidovorans y *C. testosteroni*), lo cual puede generar un sesgo en la identificación de otros miembros de la familia, de ahí la importancia del uso de MALDI-TOF MS, así como, reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real para la identificación correcta de las especies ⁽⁴¹⁾. Se han reportado casos de resistencia detectada contra aminopenicilinas, aztreonam, fluoroquinolonas, trimetoprima-sulfametoxazol y ácido nalidíxico ⁽³⁴⁾.

Dentro de los aspectos clínicos, se han descrito otras especies de *Comamonas* que deben estudiarse como agentes etiológicos de enfermedades en humanos, también como oportunistas, entre esta esta la *C. kerstersii*, relacionada con apendicitis aguda perforada ^(1,3,5,6,41-43).

Referencias

1. Palacio R, Cornejo C, Seija V. *Comamonas kerstersii*. *Revista chilena de infectología*. 2020;37(2): 147-148. <https://doi.org/10.4067/s0716-10182020000200147>.
2. Jara E, Morel MA, Lamolle G, Castro-Sowinski S, Simón D, Iriarte A, et al. The complex pattern of codon usage evolution in the family Comamonadaceae. *Ecological Genetics and Genomics*. 2018;6: 1-8. <https://doi.org/10.1016/j.egg.2017.11.002>.
3. Farfán-Cano G, Parra-Vera H, Ávila-Choez A, Silva-Rojas G, Farfán-Cano S. Primera identificación en Ecuador de *Comamonas kerstersii* como agente infeccioso. *Revista chilena de infectología*. 2020;37(2): 179-181. <https://doi.org/10.4067/s0716-10182020000200179>.
4. Willems A, Gillis M. *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*. 1st ed. Wiley; 2015. <https://doi.org/10.1002/9781118960608>. [Accessed 15th September 2021].
5. Farfán Cano GG, Farfán Cano SG, Farfán Cano HR, Silva Rojas GA, Silva Rojas KJ. Revisión Acerca de *Comamonas Kerstersii* como Agente Infeccioso. *Investigatio*. 2021;(16): 1-7. <https://doi.org/10.31095/investigatio.2020.16.1>.

6. Farfán-Cano GG, Sarmiento-Bobadilla JA, Jara León EA, Crespo-Díaz CM, Silva-Rojas GA, Parra-Vera HJ, et al. Comamonas kerstersii strains on inpatients with acute appendicitis: review of literature and case report. *InterAmerican Journal of Medicine and Health*. 2021;4. <https://doi.org/10.31005/iajmh.v4i.165>.
7. Guirao Goris SJA. Utilidad y tipos de revisión de literatura. *Ene*. 2015;9(2): 0–0. <https://doi.org/10.4321/S1988-348X2015000200002>.
8. Wen A, Fegan M, Hayward C, Chakraborty S, Sly LI. Phylogenetic relationships among members of the Comamonadaceae, and description of *Delftia acidovorans* (den Dooren de Jong 1926 and Tamaoka et al. 1987) gen. nov., comb. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 1999;49(2): 567–576. <https://doi.org/10.1099/00207713-49-2-567>.
9. Parte AC, Sardà Carbasse J, Meier-Kolthoff JP, Reimer LC, Göker M. *Genus Comamonas*. LPSN - List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (bacterio.net). 2020. <https://lpsn.dsmz.de/genus/comamonas> [Accessed 15th September 2021].
10. Deng Y-L, Ruan Y-J, Zhu S-M, Guo X-S, Han Z-Y, Ye Z-Y, et al. The impact of DO and salinity on microbial community in poly(butylene succinate) denitrification reactors for recirculating aquaculture system wastewater treatment. *AMB Express*. 2017;7(1): 113. <https://doi.org/10.1186/s13568-017-0412-3>.
11. Wu Y, Zaiden N, Cao B. The Core- and Pan-Genomic Analyses of the Genus *Comamonas*: From Environmental Adaptation to Potential Virulence. *Frontiers in Microbiology*. 2018;9: 3096. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.03096>.
12. Jackson V, Pulse A, Odendaal J, Khan S, Khan W. Identification of metal-tolerant organisms isolated from the Plankenburg River, Western Cape, South Africa. *Water SA*. 2012;38(1): 29–38. <https://doi.org/10.4314/wsa.v38i1.5>.
13. Marcus PI, Talalay P. Induction and purification of alpha- and beta-hydroxysteroid dehydrogenases. *The Journal of Biological Chemistry*. 1956;218(2): 661–674.
14. Tamaoka J, Ha D-M, Komagata K. Reclassification of *Pseudomonas acidovorans* den Dooren de Jong 1926 and *Pseudomonas testosteroni* Marcus and Talalay 1956 as *Comamonas acidovorans* comb. nov. and *Comamonas testosteroni* comb. nov., with an Emended Description of the Genus *Comamonas*. *International Journal of Systematic Bacteriology*. 1987;37(1): 52–59. <https://doi.org/10.1099/00207713-37-1-52>.
15. Reimer LC, Vetschinova A, Carbasse JS, Söhngen C, Gleim D, Ebeling C, et al. BacDive in 2019: bacterial phenotypic data for High-throughput biodiversity analysis. *Nucleic Acids Research*. 2019;47(D1): D631–D636. <https://doi.org/10.1093/nar/gky879>.
16. Benach J, Filling C, Oppermann UCT, Roversi P, Bricogne G, Berndt KD, et al. Structure of Bacterial 3 β /17 β -Hydroxysteroid Dehydrogenase at 1.2 Å Resolution: A Model for Multiple Steroid Recognition[†],[‡]. *Biochemistry*. 2002;41(50): 14659–14668. <https://doi.org/10.1021/bi0203684>.

17. Paca J, Kosteckova A, Pacova L, Prell A, Halecky M, Paca Jr. J, et al. Respirometry kinetics of phenol oxidation by *Comamonas testosteroni* Pb50 under various conditions of nutritional stress. *Brazilian Archives of Biology and Technology*. 2010;53(6): 1519–1528. <https://doi.org/10.1590/S1516-89132010000600030>.
18. Wang Y-H, Huang Z, Liu S-J. Chemotaxis Towards Aromatic Compounds: Insights from *Comamonas testosteroni*. *International Journal of Molecular Sciences*. 2019;20(11): 2701. <https://doi.org/10.3390/ijms20112701>.
19. Muchesa P, Leifels M, Jurzik L, Hoorzook KB, Barnard TG, Bartie C. Coexistence of free-living amoebae and bacteria in selected South African hospital water distribution systems. *Parasitology Research*. 2017;116(1): 155–165. <https://doi.org/10.1007/s00436-016-5271-3>.
20. Hong Y, Huang Z, Guo L, Ni B, Jiang C, Li X, et al. The ligand-binding domain of a chemoreceptor from *Comamonas testosteroni* has a previously unknown homotrimeric structure. *Molecular Microbiology*. 2019;112(3): 906–917. <https://doi.org/10.1111/mmi.14326>.
21. Huang Z, Wang Y-H, Zhu H-Z, Andrianova EP, Jiang C-Y, Li D, et al. Cross Talk between Chemosensory Pathways That Modulate Chemotaxis and Biofilm Formation. Msadek T (ed.) *mBio*. 2019;10(1). <https://doi.org/10.1128/mBio.02876-18>.
22. Li J, Luo F, Chu D, Xuan H, Dai X. Complete degradation of dimethyl phthalate by a *Comamonas testosteroni* strain. *Journal of Basic Microbiology*. 2017;57(11): 941–949. <https://doi.org/10.1002/jobm.201700296>.
23. Aksu D, Diallo MM, Şahar U, Uyaniker TA, Ozdemir G. High expression of ring-hydroxylating dioxygenase genes ensure efficient degradation of p-toluate, phthalate, and terephthalate by *Comamonas testosteroni* strain 3a2. *Archives of Microbiology*. 2021;203(7): 4101–4112. <https://doi.org/10.1007/s00203-021-02395-3>.
24. Nguyen OT, Ha DD. Degradation of chlorotoluenes and chlorobenzenes by the dual-species biofilm of *Comamonas testosteroni* strain KT5 and *Bacillus subtilis* strain DKT. *Annals of Microbiology*. 2019;69(3): 267–277. <https://doi.org/10.1007/s13213-018-1415-2>.
25. Yaghoubi Khangahi M, Strafella S, Allegretta I, Crecchio C. Isolation of Bacteria with Potential Plant-Promoting Traits and Optimization of Their Growth Conditions. *Current Microbiology*. 2021;78(2): 464–478. <https://doi.org/10.1007/s00284-020-02303-w>.
26. Wang Y, Chen H, Huang Z, Li X, Zhou N, Liu C, et al. PAPA, a peptidoglycan-associated protein, interacts with OMP and maintains cell envelope integrity. *Environmental Microbiology*. 2021;23(2): 600–612. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.15038>.
27. Albers P, Lood C, Öztürk B, Horemans B, Lavigne R, van Noort V, et al. Catabolic task division between two near-isogenic subpopulations co-existing in a herbicide-degrading bacterial consortium: consequences for the interspecies consortium metabolic model: Near isogenic subpopulations in a herbicide-degrading consortium. *Environmental Microbiology*. 2018;20(1): 85–96. <https://doi.org/10.1111/1462-2920.13994>.

28. Wu Y, Ding Y, Cohen Y, Cao B. Elevated level of the second messenger c-di-GMP in *Comamonas testosteroni* enhances biofilm formation and biofilm-based biodegradation of 3-chloroaniline. *Applied Microbiology and Biotechnology*. 2015;99(4): 1967–1976. <https://doi.org/10.1007/s00253-014-6107-7>.
29. Tartar T, Sağmak-Tartar A, Saraç M, Bakal Ü, Akbulut A, Kazez A. Does microbial resistance profile change in community-based intra-abdominal infections? evaluation of the culture results of patients with appendicitis. *The Turkish Journal of Pediatrics*. 2018;60(5): 520. <https://doi.org/10.24953/turkjped.2018.05.008>.
30. Peralta-Gil M, Bañoz Orozco M de los Á, Hernández Vega O, Chávez Vega M, Reyes González L, Guzmán Aparicio MCJ, et al. Análisis de los mecanismos de acción de los factores de transcripción de la familia LysR en *Escherichia coli* K-12. In: *Memorias del Congreso Internacional de Investigación Academia Journals Hidalgo 2020*. Hidalgo, México: Academia Journals; 2020. p. 1540–1345.
31. Zhuang W, Liu H, Li J, Chen L, Wang G. Regulation of Class A β -Lactamase CzoA by CzoR and IscR in *Comamonas testosteroni* S44. *Frontiers in Microbiology*. 2017;8: 2573. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02573>.
32. Preena PG, Arathi D, Raj NS, Arun Kumar TV, Arun Raja S, Reshma RN, et al. Diversity of antimicrobial-resistant pathogens from a freshwater ornamental fish farm. *Letters in Applied Microbiology*. 2020;71(1): 108–116. <https://doi.org/10.1111/lam.13231>.
33. Gul M, Ciragil P, Bulbuloglu E, Aral M, Alkis S, Ezberci F. *Comamonas testosteroni* bacteremia in a patient with perforated acute appendicitis. *Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica*. 2007;54(3): 317–321. <https://doi.org/10.1556/amicr.54.2007.3.6>.
34. Khalki H, Deham H, Taghouti A, Yahyaoui G, Mahmoud M. Appendicite à *Comamonas testosteroni*. *Médecine et Maladies Infectieuses*. 2016;46(3): 168–170. <https://doi.org/10.1016/j.medmal.2015.12.009>.
35. Cooper GR, Staples ED, Iczkowski KA, Clancy CJ. *Comamonas* (*Pseudomonas*) *testosteroni* endocarditis. *Cardiovascular Pathology*. 2005;14(3): 145–149. <https://doi.org/10.1016/j.carpath.2005.01.008>.
36. Nseir W, Khateeb J, Awawdeh M, Ghali M. Catheter-related bacteremia caused by *Comamonas testosteroni* in a hemodialysis patient: CRB caused by *C. testosteroni*. *Hemodialysis International*. 2011;15(2): 293–296. <https://doi.org/10.1111/j.1542-4758.2010.00524.x>.
37. Tsui T-L, Tsao S-M, Liu K-S, Chen T-Y, Wang Y-L, Teng Y-H, et al. *Comamonas testosteroni* infection in Taiwan: Reported two cases and literature review. *Journal of Microbiology, Immunology and Infection*. 2011;44(1): 67–71. <https://doi.org/10.1016/j.jmii.2011.01.013>.
38. Altun E, Kaya B, Taktakoğlu O, Karaer R, Paydas S, Balal M, et al. *Comamonas Testosteroni* Peritonitis Secondary to Dislocated Intrauterine Device and Laparoscopic Intervention in a Continuous Ambulatory Peritoneal Dialysis Patient. *Peritoneal Dialysis International: Journal of the International Society for Peritoneal Dialysis*. 2013;33(5): 576–578. <https://doi.org/10.3747/pdi.2013.0007>.

39. Reddy AK, Murthy SI, Jalali S, Gopinathan U. Post-operative endophthalmitis due to an unusual pathogen, *Comamonas testosteroni*. *Journal of Medical Microbiology*. 2009;58(3): 374–375. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.006072-0>.
40. Farshad S, Norouzi F, Aminshahidi M, Heidari B, Alborzi A. Two cases of bacteremia due to an unusual pathogen, *Comamonas testosteroni* in Iran and a review literature. *The Journal of Infection in Developing Countries*. 2012;6(06): 521–525. <https://doi.org/10.3855/jidc.2215>.
41. Zhou Y, Ma H, Dong Z, Shen M. *Comamonas kerstersii* bacteremia in a patient with acute perforated appendicitis: A rare case report. *Medicine*. 2018;97(13): e9296. <https://doi.org/10.1097/MD.00000000000009296>.
42. Almuzara MN, Cittadini R, Vera Ocampo C, Bakai R, Traglia G, Ramirez MS, et al. Intra-Abdominal Infections Due to *Comamonas kerstersii*. *Journal of Clinical Microbiology*. 2013;51(6): 1998–2000. <https://doi.org/10.1128/JCM.00659-13>.
43. Almuzara M, Cittadini R, Estraviz ML, Ellis A, Vay C. First report of *Comamonas kerstersii* causing urinary tract infection. *New Microbes and New Infections*. 2018;24: 4–7. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2018.03.003>.

Nota: Conforme la política interna de la editorial lo permite, y por decisión propia de los autores, la revisión gramatical en lengua española de la versión de publicación fue validada por los propios autores, quienes se responsabilizan de la integridad, falta de errores, y versión final del artículo.