

Microbioma oceánico: la influencia de los virus en los ecosistemas marinos

Ocean Microbiome: The Influence of Viruses On Marine Ecosystems

Milene Villalobos^{1*} , Lucas Cardona¹  y Alvaro Lovatón¹ 

¹ Facultad de Veterinaria y Ciencias Biológicas, Universidad Científica del Sur, Lima, Perú.



Citar como: Villalobos *et al.* (2025). «Microbioma oceánico: la influencia de los virus en los ecosistemas marinos». *South Sustainability*, 6(1), e122. DOI:10.21142/SS-0601-2025-e122

Artículo recibido: 15/2/2025
Revisado por pares
Artículo aceptado: 4/5/2025

Este documento formó parte de los trabajos generados en el marco del «Encuentro científico: Derrame de hidrocarburos: soluciones desde la academia» organizado por la Universidad Científica del Sur (Lima, Perú, 2024).



© Los autores, 2024. Publicado por la Universidad Científica del Sur (Lima, Perú)

* E-mail de correspondencia:
mvillalobosc@cientifica.edu.pe

RESUMEN

Los bacteriófagos, virus que infectan microorganismos en los ecosistemas marinos, cumplen un rol esencial en la regulación de sus poblaciones. A través del proceso de lisis celular, liberan carbono orgánico disuelto, lo que influye directamente en los ciclos biogeoquímicos y en la dinámica oceánica asociada al cambio climático. Entre los virus marinos se encuentran aquellos que afectan a algas microscópicas y otros que atacan bacterias patógenas, mostrando una notable diversidad y especificidad funcional. Este *policy brief* recomienda fomentar la investigación científica sobre la diversidad y el rol ecológico de los virus marinos en aguas peruanas, así como fortalecer la cooperación internacional para aprovechar su potencial en la mitigación del cambio climático y la conservación de los ecosistemas marinos.

Palabras clave: bacteriófagos, ecosistemas marinos, control microbiano, biodiversidad, microbioma

ABSTRACT

Bacteriophages, viruses that infect microorganisms in marine ecosystems, play an essential role in the regulating of microbial populations. Through the process of cell lysis, they release dissolved organic carbon, directly influencing biogeochemical cycles and ocean dynamics associated with climate change. Marine viruses include those that target microscopic algae and others that infect pathogenic bacteria, displaying remarkable diversity and functional specificity. In this policy brief, we recommend the promotion of scientific research focused upon the diversity and ecological role of marine viruses in Peruvian waters, as well as the strengthening of international collaboration, in order to harness their potential for climate change mitigation and the conservation of marine ecosystems.

Keywords: bacteriophages, marine ecosystems, microbial control, biodiversity, microbiome



Introducción

Los virus constituyen una de las mayores fuentes de diversidad en el planeta (Suttle, 2005). Se estima que donde haya vida, habrá virus, y su abundancia es tan vasta que se cree que superan en número a las estrellas del universo (Sánchez-Paz et al., 2023). Aunque su presencia ha estado asociada a algunos de los eventos devastadores para la humanidad, como el ébola (*Ebolavirus*), la fiebre de Marburgo (MHF), el virus Nipah (*Henipavirus nipahense*) o la reciente pandemia por coronavirus (covid-19), su rol no se limita únicamente a causar enfermedades (Piret y Boivin, 2020). De hecho, existen virus como los bacteriófagos que cumplen funciones ecológicas fundamentales, especialmente en los ecosistemas marinos, al regular poblaciones microbianas y participar activamente en los ciclos biogeoquímicos. Este enfoque revela una dimensión menos conocida pero esencial: los virus no solo son patógenos, también pueden ser aliados clave para la sostenibilidad ambiental y el desarrollo de herramientas biotecnológicas (Sánchez et al., 2014).

El estudio de los virus comenzó a finales del siglo XIX, cuando Ivanovsky los describió como «agentes filtrables» en 1892. Beijerinck reforzó esta noción en 1898, al introducir el término virus (Volcy, 2009). No fue sino hasta 1915 y 1917 que William Twort y Félix d'Hérelle, respectivamente, demostraron la existencia de virus capaces de destruir bacterias, a los que hoy conocemos como bacteriófagos (Domínguez, 2020).

En 1948, Helmut Ruska evidenció la diversidad morfológica de estos virus, y ese mismo año Holmes los agrupó en la familia *Phagineae*. Posteriormente, Lwoff, Horne y Tournier (1962) propusieron una clasificación basada en las características del virión y el ácido nucleico, que sentó las bases para la nomenclatura formalizada por el Comité Internacional de Taxonomía de Virus (ICTV) en 1971 (Ackerman, 2003). Actualmente, los bacteriófagos se organizan en un orden, 13 familias y 30 géneros, siguiendo criterios como el ciclo de infección, la morfología del virión y la filogenia (Valencia y Ramsey, 2024).

Los bacteriófagos o fagos son virus que infectan bacterias y constituyen las entidades biológicas más abundantes del planeta, con una estimación de 1031 partículas distribuidas en diversos ecosistemas (Coculescu et al., 2024; Martín-Galiano y García, 2021). Su omnipresencia se evidencia en su presencia en cualquier entorno donde exista vida bacteriana. Así, pueden encontrarse en ambientes acuáticos como los océanos y cuerpos de agua dulce, donde regulan poblaciones microbianas y participan en los ciclos de nutrientes (Säwström et al., 2008; Moon et al., 2018). También están presentes en el suelo, ecosistemas extremos como las regiones polares (Heinrichs et al., 2024), el intestino humano y animal (Ansaldi y Le Marrec, 2025), aguas residuales, plantas y alimentos contaminados (Shukla et al., 2025; Coffey et al., 2010). Esta diversidad de hábitats

confirma su papel clave en la ecología microbiana y su potencial biotecnológico.

En la actualidad, el estudio de los bacteriófagos ha cobrado creciente relevancia, especialmente tras reconocerse su abundante presencia e impacto ecológico en diversos ecosistemas, incluidos los marinos (Clokier et al., 2011). Estos virus son altamente específicos respecto a sus huéspedes bacterianos: al infectar una célula bacteriana, introducen su material genético y desencadenan la producción de nuevos viriones, lo que lleva, en muchos casos, a la lisis de la célula hospedadora (Bielke et al., 2012). Este mecanismo de destrucción selectiva de bacterias es esencial para el control natural de poblaciones bacterianas y la regulación de comunidades microbianas.

Recientemente, investigaciones en ambientes coralinos han demostrado que los fagos desempeñan un rol aún más complejo del que se conocía. Un estudio de Wallace et al. (2024) evidenció la existencia de interacciones tripartitas entre fagos, bacterias y corales, lo que indica que estos virus no solo regulan la abundancia bacteriana, sino que también modulan rutas metabólicas bacterianas e interacciones moleculares con células eucariotas. A través del uso de fraccionamiento por tamaño y el análisis de más de 677 metagenomas y viromas, se construyó una base de datos con más de 20 000 genomas virales coralinos, entre los que destacan las familias *Kyanoviridae* y *Autographiviridae* como dominantes. Estos hallazgos reafirman la importancia de los fagos como reguladores clave en holobiontes marinos, como los corales, y como actores relevantes en la estabilidad y resiliencia de los ecosistemas oceánicos.

En este contexto, el presente *policy brief* se centrará en el papel fundamental de los bacteriófagos en el control de poblaciones bacterianas marinas, ya que destacan por su potencial como herramienta natural para la conservación ecológica, la mitigación del cambio climático y la protección de la salud de los ecosistemas oceánicos.

Enfoque y discusión

Los bacteriófagos marinos representan actores dinámicos que regulan y moldean las comunidades microbianas marinas con una sofisticada complejidad. Según Middelboe y Brussaard (2017), estos virus son componentes fundamentales de los ecosistemas marinos, capaces de ejercer un control significativo sobre las poblaciones bacterianas. Esta capacidad de regulación se evidencia en la extraordinaria diversidad de interacciones virus-huésped. En estudios del océano Atlántico se identificó que 250 bacterias presentaban patrones únicos de sensibilidad a bacteriófagos, con 224 de 258 cepas (87 %) que resultaron ser distintas (Moebus, 1980). Las interacciones están moduladas por factores ambientales como temperatura, nutrientes y luz, lo que complejiza aún más su rol ecosistémico. Los bacteriófagos

han desarrollado mecanismos sofisticados, incluyendo modificación de receptores de superficie y sistemas con tal de mantener relaciones dinámicas con sus hospederos (Stante *et al.*, 2024; Middelboe y Brussaard, 2017). Esta adaptabilidad los convierte en agentes letales, capaces de exterminar entre 20 a 40 % de las bacterias hospederas diariamente (Luo *et al.*, 2017).

Durante el proceso de lisis bacteriana, se libera carbono orgánico disuelto (DOC), el cual puede ser aprovechado por otros organismos, lo que contribuye a los ciclos biogeoquímicos marinos (Sanmukh *et al.*, 2015). El bacteriófago *Carin-1* regula la población de *Cobetia marina* mediante la lisis celular, al eliminar hasta el 50 % de estas bacterias diariamente (D'Acapito *et al.*, 2023). Este proceso mantiene el equilibrio microbiano y evita proliferaciones descontroladas de estas bacterias. Los bacteriófagos SW1 (Jian *et al.*, 2013) y el bacteriófago *Spp001* infectan a bacterias del género *Shewanella*, que destacan por la producción de enzimas líticas con potencial biotecnológico y de control con estas bacterias (Han *et al.*, 2014).

Los vibriófagos, incluidos ϕ H20, regulan *Vibrio anguillarum*, un patógeno de peces, al reducir su proliferación y favorecer el equilibrio microbiano en acuicultura (Tan *et al.*, 2014). Además, facilitan la transferencia génica, ya que promueven la adaptación bacteriana. Estos virus ofrecen una alternativa natural y sostenible para el biocontrol en la acuicultura, al reducir el uso de antibióticos y la resistencia bacteriana (Kalatzis *et al.*, 2017). Su amplia distribución en zonas templadas y estabilidad genética los convierten en herramientas clave para la acuicultura.

Existen los llamados virus gigantes o Gyru, pertenecientes al filo Nucleocytoviricota y clasificados como virus nucleocitoplasmáticos de ADN grande (NCLDV). Estos virus infectan principalmente a protistas fotosintéticos microscópicos, incluyendo especies de fitoplancton que pueden formar floraciones nocivas (Stante *et al.*, 2024). Por ejemplo, el *Emiliana huxleyi* virus (EhV) y otros virus relacionados atacan a *Prymnesium parvum* y *Emiliana huxleyi*, dos especies conocidas por generar blooms tóxicos con efectos perjudiciales en ecosistemas acuáticos (Stante *et al.*, 2024; Middelboe y Brussaard, 2017). Estos virus desempeñan un papel clave en la regulación natural de estas proliferaciones, debido a que limitan su crecimiento y evitan desequilibrios ecológicos. Su actividad no solo controla las poblaciones de estas microalgas, sino que también influye en los ciclos biogeoquímicos marinos al liberar nutrientes esenciales durante la lisis celular (Fokine, 2004). Más allá del control poblacional, estos virus influyen en la evolución de los ecosistemas marinos. Actúan como «arquitectos moleculares», porque desempeñan un papel similar al de ingenieros biológicos al reconfigurar los sistemas

microbianos a nivel molecular (Middelboe y Brussaard, 2017).

Los virus EhV (*Emiliana huxleyi* virus) son una familia de grandes virus de ADN que infectan a *Emiliana huxleyi*, un cocolitóforo marino fundamental en las floraciones de algas tóxicas (Tyrrel y Merico, 2004). Estos virus juegan un papel esencial como modelo de interacción virus-huésped en ecosistemas marinos, ya que modifican el metabolismo bacteriano y facilitan la transferencia génica horizontal, al impulsar la adaptación a entornos complejos (Stante *et al.*, 2024; Middelboe y Brussaard, 2017). Con un genoma de 415 kilobases, un periodo latente de 12-14 horas y una producción de hasta 1000 partículas virales por célula infectada, los EhV desempeñan un papel crucial en la dinámica de los florecimientos de *E. huxleyi* (Coolen, 2011). Durante estos eventos, aunque inicialmente hay alta diversidad genética viral, solo unos pocos genotipos dominan y provocan su colapso (Schroeder *et al.*, 2003; Tyrrell y Merico, 2004).

Al igual que otros virus que regulan fitoplancton, los cianófagos controlan las poblaciones de cianobacterias, puesto que evitan su proliferación descontrolada y mantienen el equilibrio marino. Además, su lisis celular recicla carbono y nitrógeno, esenciales para el ecosistema. Los cianófagos MPP-C y P-SCSP1, con los genomas más pequeños entre los cianopodovirus, tienen una replicación rápida y eficiente, pues se adaptan mejor a cambios ambientales y regulan dinámicamente las comunidades microbianas (Cai *et al.*, 2023). Estos procesos destacan el impacto multifacético de los virus en la dinámica y funcionalidad de los ecosistemas marinos, pero, a pesar de ello, existen limitadas investigaciones sobre virus marinos (Middelboe y Brussaard, 2017).

Tabla 1. Bacteriófagos y funciones

Especie o tipo de virus	Función	Referencia
<i>Carin-1</i> (Podoviridae)	Control de la marina de <i>Cobetia</i>	D'Acapito <i>et al.</i> , 2023
SW1	Infección por <i>Shewanella</i>	Jian <i>et al.</i> , 2013
<i>Spp001</i>	Produce enzimas líticas	Han <i>et al.</i> , 2014
Vibriófagos (ϕ H20)	Regula <i>Vibrio anguillarum</i>	Tan <i>et al.</i> , 2014; Kalatzis <i>et al.</i> , 2017
Gyru (NCLDV)	Control de fitoplancton tóxico	Stante <i>et al.</i> , 2024
EhV (<i>Emiliana huxleyi</i> virus)	Regula <i>Emiliana huxleyi</i>	Coolen, 2011; Middelboe y Brussaard, 2017
Cianófagos (MPP-C y P-SCSP1)	Regula cianobacterias	Cai <i>et al.</i> , 2023



Conclusiones y recomendaciones

Los bacteriófagos juegan un papel fundamental en la regulación de las poblaciones bacterianas y en el mantenimiento de ciclos biogeoquímicos esenciales en los océanos, ya que pueden eliminar alrededor del 40 % de bacterias marinas diariamente. A su vez, su capacidad de interactuar de manera específica con sus hospedadores los posiciona como herramientas clave para abordar problemas ambientales y de salud pública, como es el caso del bacteriófago *φH2O*, el cual regula al *Vibrio anguillarum*. En el caso del Perú, se recomienda que el gobierno, a través de Concytec, establezca programas de financiamiento competitivo para la investigación de bacteriófagos en los mares peruanos, con un enfoque en su diversidad, interacciones específicas y aplicaciones biotecnológicas.

En el Perú, diversas instituciones académicas y centros de investigación disponen de laboratorios especializados en microbiología y virología marina, lo que constituye una oportunidad estratégica para consolidar este campo emergente. La Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), a través de grupos de investigación como BIOAQUA, cuenta con capacidades para impulsar estudios sobre virus marinos. De igual manera, la Universidad Peruana Cayetano Heredia (UPCH) dispone de laboratorios de microbiología ambiental dedicados al estudio de microorganismos marinos. Por su parte, la Universidad Científica del Sur ha desarrollado líneas de investigación en microbiología de ambientes acuáticos. Por ello, se ha posicionándose como un centro con alto

potencial para explorar la diversidad y funcionalidad de los virus marinos.

En este contexto, resulta clave incorporar tecnologías avanzadas como la secuenciación de nueva generación (NGS) y la computación en clúster, herramientas esenciales para procesar grandes volúmenes de datos metagenómicos y avanzar en la caracterización de viromas marinos complejos. Estas tecnologías permitirán investigar regiones del océano Pacífico que hasta ahora han permanecido en gran medida inexploradas. Finalmente, se propone la conformación de consorcios interinstitucionales que integren universidades, centros de investigación como el Instituto del Mar del Perú (Imarpe) y actores del sector pesquero y acuícola, con el fin de generar conocimiento colaborativo y potenciar el desarrollo sostenible de los ecosistemas marinos peruanos.

Contribución de los autores

Todos los autores participaron de manera equitativa en la conceptualización, el desarrollo, el análisis y la redacción del presente documento, y contribuyeron con sus conocimientos y experiencia en cada etapa del proceso.

Fuente de financiamiento

Autofinanciado.

Potenciales conflictos de interés

Los autores declaran no tener ningún conflicto de interés.

Referencias bibliográficas

- Ackermann, H. W. (2003). «Bacteriophage observations and evolution». *Research in Microbiology*, 154(4), pp. 245-251. Disponible en: [https://doi.org/10.1016/S0923-2508\(03\)00067-6](https://doi.org/10.1016/S0923-2508(03)00067-6)
- Ansaldi, M. y Le Marrec, C. (2025). «Bacterial viruses in the Anthropocene era: Friends or enemies of their hosts?». *Medecine/Sciences*. Disponible en: <https://doi.org/10.1051/medsci/2025014>
- Bielke, L. R., Tellez, G. y Hargis, B. M. (2012). «Successes and failures of bacteriophage treatment of *Enterobacteriaceae* infections in the gastrointestinal tract of domestic animals». En: I. Kurtböke (ed.), *Bacteriophages* (pp. 159-178). Rijeka: InTech. Disponible en: <https://www.intechopen.com/chapters/32284>
- Cai, L., Liu, H., Zhang, W., Xiao, S., Zeng, Q. y Dang, S. (2023). «La estructura crio-EM del cianófago P-SCSP1u ofrece información sobre la activación del ADN y la evolución de los virus similares a T7». *Nature Communications*, 14(1), 6438. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41467-023-42258-7>
- Clokic, M. R. J., Millard, A. D., Letarov, A. V. y Heaphy, S. (2011). «Phages in nature». *Bacteriophage*, 1(1), pp. 31-45. Disponible en: <https://doi.org/10.4161/bact.1.1.14942>
- Coculescu, B. I., Alexandrescu, V. y Lazar, M. (2024). «Bacteriophages or “bacteria eaters” alternative to antibiotics, vaccine preparation and treatment of severe infectious diseases». *Romanian Journal of Infectious Diseases*, 27(1). Disponible en: <https://doi.org/10.37897/RJID.2024.1.8>
- Coffey, B., Mills, S., Coffey, A., McAuliffe, O. y Ross, R. P. (2010). «Phage and their lysins as biocontrol agents for food safety applications». *Annual Review of Food Science and Technology*, 1, pp. 449-468. Disponible en: <https://doi.org/10.1146/annurev.food.102308.124046>
- Coolen, M. J. (2011). «7000 years of *Emiliania huxleyi* viruses in the Black Sea». *Science*, 333(6041), pp. 451-452. Disponible en: <https://doi.org/10.1126/science.1200072>
- D'Acapito, A., Roret, T., Zarkadas, E., Mocaër, P. Y., Lelchat, F., Baudoux, A. C., Schoehn, G. y Neumann, E. (2023). «Structural study of the *Cobetia marina* bacteriophage 1 (Carin-1) by Cryo-EM». *Journal of Virology*, 97(4), e0024823. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/jvi.00248-23>
- D'Herelle, F. (1917). «On an invisible microbe antagonistic toward dysentery bacilli: brief note by M. F. d'Herelle, presented by Mr. Roux». *Comptes Rendus de l'Académie des Sciences*, 165, pp. 373-375. Reimpreso en *Bacteriophage* (2011), 1, pp. 3-5. Disponible en: <https://doi.org/10.4161/bact.1.1.14941>
- Domínguez Navarrete, N. (2020). «Bacteriófagos». *Revista de la Facultad de Medicina Humana*, 20(1), pp. 164-165. Disponible en: <https://doi.org/10.25176/rfmh.v20i1.2554>
- Fokine, A., Chipman, P. R., Leiman, P. G., Mesyanzhinov, V. V., Rao, V. B. y Rossmann, M. G. (2004). «Molecular architecture of the prolate head of bacteriophage T4». *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101(16), pp. 6003-6008. Disponible en: <https://doi.org/10.1073/pnas.0400441101>
- Han, F., Li, M., Lin, H., Wang, J., Cao, L. y Khan, M. N. (2014). «The novel *Shewanella putrefaciens*-infecting bacteriophage Spp001: genome sequence and lytic enzymes». *Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology*, 41, pp. 1017-1026. Disponible en: <https://academic.oup.com/jimb/article/41/6/1017/5995276?login=false>
- Heinrichs, M. E., Piedade, G. J., Popa, O., Sommers, P., Trubl, G., Weissenbach, J. y Rahlff, J. (2024). «Breaking the ice: A review of phages in Polar ecosystems». En: J. M. Walker (ed.), *Methods in molecular biology* (pp. 31-71). Disponible en: https://doi.org/10.1007/978-1-0716-3549-0_3
- Jian, H., Xiao, X. y Wang, F. (2013). «Role of filamentous phage SW1 in regulating the lateral flagella of *Shewanella piezotolerans* Strain WP3 at low temperatures». *Applied and Environmental Microbiology*, 79, pp. 7101-7109. Disponible en: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/aem.01675-13>
- Kalatzis, P. G., Rørbo, N. I., Castillo, D., Mauritzen, J. J., Jørgensen, J., Kokkari, C., Zhang, F., Katharios, P. y Middelboe, M. (2017). «Stumbling across the same phage: Comparative genomics of widespread temperate phages infecting the fish pathogen *Vibrio anguillarum*». *Viruses*, 9(5), 122. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/v9050122>
- Liu, W. J. y Xu, J. (2022). «The arms race in the war between virus and host: Implications for anti-infection immunity». *Infectious Diseases & Immunity*, 2(3), pp. 129-131. Disponible en: <https://doi.org/10.1097/ID9.0000000000000062>
- Luo, E., Aylward, F. O., Mende, D. R. y DeLong, E. F. (2017). «Bacteriophage distributions and temporal variability in the ocean's interior». *mBio*, 8(6). Disponible en: <https://doi.org/10.1128/mBio.01903-17>
- Martín-Galiano, A. J. y García, E. (2021). «*Streptococcus pneumoniae*: A plethora of temperate bacteriophages with a role in host genome rearrangement». *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 11, 775402. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.775402>
- Middelboe, M. y Brussaard, C. P. D. (2017). «Marine viruses: Key players in marine ecosystems». *Viruses*, 9(10), 302. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/v9100302>
- Moebus, K. y Nattkemper, H. (1981). «Bacteriophage sensitivity patterns among bacteria isolated from marine waters». *Helgoländer Meeresuntersuchungen*, 34(3), pp. 375-385. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/bf02074130>
- Moon, K., Kang, I., Kim, S., Kim, S.-J. y Cho, J.-C. (2018). «Genomic and ecological study of two distinctive freshwater bacteriophages infecting a *Comamonadaceae* bacterium». *Scientific Reports*, 8, 7989. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41598-018-26363-y>
- Ortega del Campo, S. (2020). «El origen de los virus». *Encuentros en la Biología*, 13(173), pp. 26-30. Disponible en: <https://revistas.uma.es/index.php/enbio/article/view/17343>
- Piret, J. y Boivin, G. (2020). «Pandemics throughout history». *Frontiers in Microbiology*, 11, 631736. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.631736>
- Sanmukh, S., Khairnar, K. y Paunikar, W. y Lokhande, S. (2015). «Understanding carbon regulation in aquatic systems – Bacteriophages as a model». *F1000Research*, 4, 138. Disponible en: <https://doi.org/10.12688/f1000research.6031.1>
- Säwström, C., Lisle, J., Anesio, A. M., Priscu, J. C. y Laybourn-Parry, J. (2008). «Bacteriophage in polar inland waters». *Extremophiles*, 12, pp. 167-175. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s00792-007-0134-6>
- Sánchez-Paz, A., Muhlia-Almazán, A., Saborowski, R., García-Carreño, F., Sablok, G. y Mendoza-Cano, F. (2014). «Marine viruses: The beneficial side of a threat». *Applied Biochemistry and Biotechnology*, 174(7), 2368-2379. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s12010-014-1194-6>
- Sánchez-Paz, A., Muhlia-Almazán, A., Mendoza-Cano, F. y Encinas-García, T. (2023). «Virus marinos: ¿amigos o enemigos?». *Recursos Naturales y Sociedad*, 9(1), pp. 23-32. Disponible en: <https://resonanciaincientifica.coscyt.mx/ciencia/virus-marinos-amigos-o-enemigos/>



- Schroeder, D. C., Oke, J., Hall, M., Malin, G. y Wilson, W. H. (2003).** «Virus succession observed during an *Emiliania huxleyi* bloom». *Applied and Environmental Microbiology*, 69(5), pp. 2484-2490. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/AEM.69.5.2484-2490.2003>
- Shukla, S., Nayak, A., Sharma, R. K., Singh, A. P., Singh, R. V. y Tiwari, S. P. (2025).** «Isolation and identification of novel *Staphylococcus* phage as a novel therapeutic agent from sewage of livestock farms». *Indian Journal of Animal Research*, 59(3), 414-419. Disponible en: <https://doi.org/10.18805/IJAR.B-4782>
- Stante, M., Weiland-Bräuer, N., von Hoyningen-Huene, A. J. E. y Schmitz, R. A. (2024).** «Marine bacteriophages disturb the associated microbiota of *Aurelia aurita* with a recoverable effect on host morphology». *Frontiers in Microbiology*, 15, 1356337. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1356337>
- Suttle, C. A. (2005).** «Viruses in the sea». *Nature*, 437(7057), pp. 356-361. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/nature04160>
- Tan, D., Gram, L. y Middelboe, M. (2014).** «Vibriophages and their interactions with the fish pathogen *Vibrio anguillarum*». *Applied and Environmental Microbiology*, 80(10). Disponible en: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/aem.03544-13>
- Tyrrell, T. y Merico, A. (2004).** «*Emiliania huxleyi*: Bloom observations and the conditions that induce them». En: H. R. Thierstein y J. R. Young (eds.), *Coccolithophores: from molecular processes to global impact* (pp. 75-97). Berlín: Springer. Disponible en: https://doi.org/10.1007/978-3-662-06278-4_4
- Valencia, T. y Ramsey, J. (2024).** «How to introduce a new bacteriophage on the block: A short guide to phage classification». *Journal of Virology*, 98(10). Disponible en: <https://journals.asm.org/doi/pdf/10.1128/jvi.01821-23>
- Volcy, C. (2009).** «Dogma de la bacteriología y otros eventos como puntas de lanza de la virología». *Redalyc*, 22(4), pp. 397-406. Disponible en: <https://www.redalyc.org/pdf/1805/180519033009.pdf>
- Wallace, B. A., Varona, N. S., Hesketh-Best, P. J., Stiffler, A. K. y Silveira, C. B. (2024).** «Globally distributed bacteriophage genomes reveal tripartite phage-bacteria-coral interactions». *The ISME Journal*, 18(1), wræ132. Disponible en: <https://doi.org/10.1093/ismejo/wrae132>