

Mtra. María Elena Contreras Garfias
 Directora de la División de Ciencias Biológicas y de la Salud
 PRESENTE

Por este medio le informo del término del Servicio Social, cuyos datos son los siguientes :

Fecha de Recepción	Día	Mes	Año	Fecha de Aprobación	Día	Mes	Año
--------------------	-----	-----	-----	---------------------	-----	-----	-----

Datos del Alumno

Nombre :	
Matrícula :	Licenciatura :
Domicilio :	
Teléfono :	Celular :
Correo Electrónico :	CURP :

Datos del Proyecto

Nombre del Proyecto :							
Lugar donde se realizó el Servicio Social :							
Dependencia :							
Entidad Federativa :							
Municipio :	Localidad :						
Fecha de Inicio	Día	Mes	Año	Fecha de Término	Día	Mes	Año

PARA SER LLENADO POR LOS ASESORES

Sector: _____ Tipo: _____

Orientación: _____

FIRMAS

 Asesor Interno Nombre, firma y No. Económico 18488	 Asesor Externo Nombre, firma y No. Económico 24563
 Alumno Nombre, firma	 Vo. Bo. de la Comisión Nombre y firma de la persona que autoriza



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA

CDMX a 30 de Junio del 2020.

Asunto: Cumplimiento de Servicio Social

M. en C. María Elena Contreras Garfias

Directora de la División de CBS

Universidad Autónoma Metropolitana Xochimilco

P R E S E N T E

Por este conducto, informamos a usted que la alumna **PAULINA HUIZAR ÁVILA**, matrícula 2153059693, ha culminado su proyecto de servicio social titulado **“AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE MICROORGANISMOS ASOCIADOS AL CULTIVO ACUAPÓNICO DE PECES COMESTIBLES Y DE FRESA (*Fragaria sp*)”**. El proyecto se realizó de forma remota del 1 de Enero del 2020 al 30 de Junio del 2020, bajo mi asesoría cubriendo un total de 480 horas. Se llevó a cabo mediante revisión bibliográfica debido a la imposibilidad del desarrollo de actividades experimentales durante la pandemia.

Agradecemos de antemano sus atenciones y le enviamos un cordial saludo.

Atentamente,

M. en C. Patricia Martínez Cruz
Laboratorio de Biotecnología, N-104
Departamento Sistemas Biológicos
pmartine@correo.xoc.uam.mx

M. en C. Eduardo Maya Peña
Laboratorio de Calidad y uso del Agua
Departamento el Hombre y su Ambiente
emaya@correo.xoc.uam.mx

UNIDAD XOCHIMILCO, Laboratorio de Biotecnología, UIDIS. Departamento de Sistemas Biológicos
Calz. del Hueso 1100, Col. Villa Quietud, Del. Coyoacán, 04960 México, D.F.



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA

CDMX a 30 de Junio del 2020.

Asunto: Modificación de modalidad de servicio social

Comisión de Servicio Social de QFB

Universidad Autónoma Metropolitana Xochimilco

P R E S E N T E

Por este conducto, informamos a ustedes que la alumna **PAULINA HUIZAR ÁVILA**, matrícula 2153059693, ha culminado su proyecto de servicio social titulado **“AISLAMIENTO E IDENTIFICACIÓN DE MICROORGANISMOS ASOCIADOS AL CULTIVO ACUAPÓNICO DE PECES COMESTIBLES Y DE FRESA (*Fragaria sp*)”**.

Sin embargo, el proyecto se llevó a cabo mediante revisión bibliográfica debido a la imposibilidad del desarrollo de actividades experimentales durante la pandemia. Por lo anterior, los objetivos del mismo fueron replanteados para orientar la investigación a una documentación bibliográfica relacionada con el tema de interés.

Agradecemos de antemano sus atenciones y le enviamos un cordial saludo.

Atentamente,

M. en C. Patricia Martínez Cruz
Laboratorio de Biotecnología, N-104
Departamento Sistemas Biológicos
pmartine@correo.xoc.uam.mx

M. en C. Eduardo Maya Peña
Laboratorio de Calidad y uso del Agua
Departamento el Hombre y su Ambiente
emaya@correo.xoc.uam.mx

UNIDAD XOCHIMILCO, Laboratorio de Biotecnología, UIDIS. Departamento de Sistemas Biológicos

Calz. del Hueso 1100, Col. Villa Quietud, Del. Coyoacán, 04960 México, D.F.



Universidad Autónoma Metropolitana
Unidad Xochimilco
División de Ciencias Biológicas y de la Salud
Licenciatura en Química farmacéutica biológica

Reporte de servicio social

Proyecto: “Aislamiento e identificación de microorganismos asociados al cultivo acuapónico de peces comestibles y de fresa (*Fragaria sp*)”

Proyecto genérico correspondiente: Obtención de materias primas, principios activos, medicamentos y productos biológicos

Etapas: Diseño y desarrollo de productos biológicos por métodos biotecnológicos o de ingeniería genética

Alumna: Paulina Huizar de Ávila (2153059693)

Asesores:

M en C. Patricia Martínez Cruz, Departamento Sistemas Biológicos, CBS, UAM-X

M. en C. Eduardo Maya Peña, Departamento el Hombre y su Ambiente, CBS, UAM-X

Junio 2020

Proyecto: “Aislamiento e identificación de microorganismos asociados al cultivo acuapónico de peces comestibles y de fresa (*Fragaria sp*)”

Proyecto genérico correspondiente: Obtención de materias primas, principios activos, medicamentos y productos biológicos

Etapa: Diseño y desarrollo de productos biológicos por métodos biotecnológicos o de ingeniería genética

Alumna: Paulina Huizar de Ávila (2153059693)

Universidad Autónoma Metropolitana

Unidad Xochimilco

Ciencias Biológicas y de la Salud

Licenciatura en Química Farmacéutica Biológica

Asesores:

M en C. Patricia Martínez Cruz, Departamento Sistemas Biológicos, CBS, UAM-X

M. en C. Eduardo Maya Peña, Departamento el Hombre y su Ambiente, CBS, UAM-X

Ciudad de México

Junio 2020

Índice

Contenido

Índice	3
I. Introducción	1
II. Objetivos.....	2
A. General	2
B. Específicos.....	2
III. Metodología empleada	2
IV. Actividades realizadas.....	2
Revisión Bibliográfica	2
A. México y su estado de seguridad alimentaria.....	2
B. Sistemas de producción acuapónicos.....	4
1. La Acuaponía como sistema agroalimentario sustentable	4
2. Calidad del agua en el sistema de producción acuícola	6
3. El protagonismo de la Tilapia en los sistemas acuapónicos.....	10
C. Producción de Fresa.....	12
1. Botánica y condiciones de cultivo.....	12
2. Cultivo acuapónico de fresa	13
D. Técnicas empleadas para la caracterización de microorganismos.....	15
1. Caracterización de los microorganismos según metodología empleada	15
2. Microorganismos descritos	22
V. Objetivos y Metas Alcanzadas	27
VI. Conclusiones	27
VII. Recomendaciones	27
VIII. Bibliografía.....	27

I. Introducción

Uno de los principales desafíos que enfrenta la humanidad es el cambio climático que está generando efectos económicos, sociales y ambientales significativos, entre los que se encuentra una afectación negativa en la producción agrícola y lo que conlleva el decremento a la seguridad alimentaria en la región. En el 2012 el Índice Global de Seguridad Alimentaria (GFSI, por sus siglas en inglés), posicionó a México como el segundo país en América Latina con mayor seguridad alimentaria, mientras que, en la clasificación global se posicionó en el lugar 30; no obstante una década después, la incapacidad del aparato productivo nacional para responder a la apertura comercial, aunada a la caída progresiva que ha sufrido el salario, además de situaciones coyunturales asociadas al aumento de los precios del petróleo, las crisis agrícolas, los cambios climáticos y los problemas sanitarios y de salud asociados a la enfermedad de COVID 19 entre otros, se ve reflejado en un aumento de las condiciones de pobreza y por consiguiente, en una decaída en la posición en el GFSI, situándose en lugar 45 del índice global, mientras que a nivel Latinoamérica se encuentra entre los cinco países con mayor seguridad alimentaria (Lucas, 2021; López-Salazar & Sandoval-Godoy, 2018).

La Asamblea General de la Organización de las Naciones Unidas estableció los Objetivos del Desarrollo Sostenible (ODS), en los que se plantean erradicar el hambre y la malnutrición, como una manera de hacer frente a la inseguridad alimentaria mediante el desarrollo de la agricultura sostenible y la adopción de patrones alimentarios saludables (López-Salazar & Sandoval-Godoy, 2018). De este modo, la acuaponía se presenta como una opción viable para hacer frente al combate de la inseguridad alimentaria, debido a que es un método con un enfoque sinérgico entre las tecnologías acuícola –aquella dirigida a la producción y engorda de organismos acuáticos en condiciones de cultivo controladas– e hidropónica –aquella que consiste en la producción de plantas sin suelo, empleando un sustrato que entra en contacto con una solución acuosa–, en donde las plantas forman parte de la bio-adaptación del sistema al fungir como filtro biológico para la eliminación de los residuos sólidos acuícolas disueltos en el agua. Sin embargo, la recirculación del recurso hídrico produce una disminución en su calidad debido a que en el cultivo de organismos acuáticos, las condiciones fisicoquímicas y biológicas del medio se modifican en relación a la cantidad de alimento que se suministra al sistema, lo que además de resultar en el crecimiento de los organismos, produce residuos metabólicos (amonio-amoniaco, urea, CO₂, y otras sustancias solubles como mucoproteínas) (Bartelme, *et al.*, 2019; Hernández-Martínez, 2014), por lo que es de vital importancia el empleo de mecanismos para mejorar la calidad del agua mediante la implementación de componentes para capturar y eliminar productos de desecho sólidos suspendidos y nitrogenados. La eliminación de los primeros se lleva a cabo con tamices de tela gruesa o minerales porosos que atrapan dichos residuos, mientras que, para los segundos, se emplean biofiltros en los que se desarrollan microorganismos asociados al ciclo del nitrógeno, siendo fundamental la investigación de los microorganismos que se encuentran presentes dentro del sistema, así como su operación (Bartelme *et al.* 2019).

Como se mencionó previamente, en la acuaponía se obtiene tanto producción animal como vegetal, siendo la Fresa (*Fragaria sp*) una fruta con una producción relevante en México, ya que constituye el 2.9% de la producción total de frutas del país y representa el 1.14% del PIB agrícola nacional, con cultivo convencional se satisface al 100% la demanda de consumo nacional, además de posicionar a México como el segundo principal productor en el mundo (SAGARPA, 2017).

II. Objetivos

A. General

- a. Realizar una revisión bibliográfica para conocer los métodos de aislamiento e identificación de microorganismos asociados al cultivo acuapónico de peces comestibles y de fresa (*Fragaria sp.*).

B. Específicos

- a. Buscar, analizar y clasificar información bibliográfica sobre el tema.
- b. Generar un banco de datos con la información bibliográfica.
- c. Analizar la información recabada.
- d. Escribir un informe final con formato de artículo de revisión bibliográfica

III. Metodología empleada

Estudio observacional descriptivo. Se utilizó el buscador académico Google scholar y se realizó una revisión sistemática en bases de datos bibliográficas (Redalyc, SciELO, PubMed, Scopus). Se definieron criterios de inclusión y exclusión para la selección de artículos.

IV. Actividades realizadas

Revisión Bibliográfica

A. México y su estado de seguridad alimentaria

El concepto de seguridad alimentaria surgió a mediados de la década de los setenta a raíz de la crisis alimentaria mundial derivada del alza de los precios internacionales, enfocándose en las fluctuaciones de la disponibilidad de alimentos (considerados de forma agregada) a nivel de país o región, pero, se constató que países con suficientes alimentos a nivel agregado podían tener segmentos de la población con consumos por debajo de lo adecuado o incluso poblaciones con hambre, por lo que suficientes alimentos no se traducen necesariamente en niveles adecuados de su consumo en el ámbito del hogar o del individuo (CONEVAL, 2010). Por ello, en la Cumbre Mundial de Alimentación, FAO 1996, se definió que la seguridad alimentaria existe cuando “todas las personas tienen acceso físico, social y económico permanente a alimentos seguros, nutritivos y en cantidad suficiente para satisfacer sus requerimientos nutricionales y preferencias alimentarias, y así poder llevar una vida activa y saludable”, mientras que, se considera inseguridad alimentaria a la insuficiente ingestión de alimentos, ya sea transitoria estacional o crónica (FAO, 2016; ONU, 2019).

Uno de los principales desafíos que enfrenta la humanidad es el cambio climático. El Panel Intergubernamental sobre Cambio Climático (IPCC, por sus siglas en inglés) ha planteado en sucesivos informes que el aumento de las temperaturas del aire y océano, el incremento de deshielos, el aumento en el nivel del mar, modificaciones en el patrón de precipitaciones y viento y la mayor ocurrencia e intensidad de fenómenos hidrometeorológicos extremos (sequías, olas de calor y ciclones tropicales) son consecuencias directas del cambio climático. Consecuentemente el cambio climático ésta generando efectos económicos, sociales y ambientales significativos, entre los que se encuentra una afectación negativa en la producción agrícola (FAO, 2016; Monterroso-Rivas et al., 2016; Sosa-Rodriguez, 2015).

México es uno de los países más vulnerables a los efectos de cambio climático, ya que el 15% del territorio nacional es propenso a sufrir las consecuencias negativas que este conlleva, afectando al 68.2% de su población y generando consecuentemente un efecto negativo hasta en el 71% de las actividades que constituyen el

producto interno bruto (PIB) nacional. Los impactos generados por éste se distribuirán de manera desigual a través del país debido a sus diferentes climas, recursos naturales, infraestructura instalada, desarrollo económico y concentración demográfica (Sosa-Rodriguez, 2015).

El sector agropecuario presenta una alta vulnerabilidad frente al cambio climático, debido a que depende directamente de las condiciones ambientales, muchas no controlables, que definen en gran medida los niveles productivos y de calidad de los sistemas agro productivos (FAO, 2016).

México cuenta con un territorio de 198 millones de hectáreas, de las cuales, 145 millones se dedican a la actividad agropecuaria, de éstas, 26 millones están declaradas como tierras de cultivo, 115 millones son tierras de agostadero, y la superficie con vegetación de bosques y selvas ocupan 45.5 millones de hectáreas. La agricultura ocupa aproximadamente 22 millones de hectáreas, que corresponde al 11 % del territorio nacional, y de ellas 5.7 millones son de riego y 16.3 millones de temporal siendo el sector agropecuario el principal usuario del agua y del suelo (Monterroso-Rivas et al., 2016). La variación en el patrón de precipitación genera una menor disponibilidad de agua para riego en la agricultura, debido a que disminuye el almacenamiento de nieve en altas cumbres, bajan los caudales de los ríos y se disminuye la acumulación de agua en acuíferos teniendo como resultado una disminución en la productividad (FAO, 2016). De acuerdo con cifras de la Comisión Nacional de Acuacultura y Pesca (CONAPESCA) la pesca por captura se vio afectada por los efectos del cambio climático, en el 2019, la producción nacional pesquera y acuícola alcanzó un volumen total de 1 millón 886 mil 796 toneladas en peso vivo, una producción 13 por ciento menor a la registrada en el 2018, cuando se obtuvieron 2 millones 159 mil 650 toneladas. Del total de pesca capturado en el 2019 se tuvo un registro de 1 millón 580 mil 232 toneladas por captura, mientras que, por acuacultura fueron 306 mil 564 toneladas, correspondiendo un 84 y 16 por ciento, respectivamente (García, 2020).

Los efectos adversos del cambio climático y la incidencia de eventos climáticos extremos alteran los sistemas alimentarios en su conjunto, se reduce la productividad del sector agrícola y afecta directamente en el derecho a la alimentación y a la seguridad alimentaria en la región (FAO, 2016).

La seguridad alimentaria ha permanecido como preocupación pública central entre los gobiernos y de la sociedad civil por al menos los últimos treinta años; se ha reconocido que la sustentabilidad de la vida humana, en la cual la alimentación es una parte fundamental, debe estar en el centro de la economía y de la organización de la sociedad (López-Salazar & Sandoval-Godoy, 2018). Según un informe presentado por FAO, FIDA, UNICEF, PMA y OMS, en los últimos años la subalimentación –definida por la FAO como la incapacidad de las personas para consumir alimentos suficientes para satisfacer las necesidades de energía alimentaria– ha aumentado a nivel mundial, se han tomado acciones para reducir el índice de subalimentación de los países lo que ha generado que algunos avancen notablemente disminuyendo su índice mientras que otros han tenido indicadores menos positivos. En el 2012 el Índice Global de Seguridad Alimentaria (GFSI, por sus siglas en inglés), posicionó a México como el segundo país en América Latina con mayor seguridad alimentaria, mientras que en la clasificación global se posicionó en el lugar 30; no obstante una década después, la incapacidad del aparato productivo nacional para responder a la apertura comercial, aunada a la caída progresiva que ha sufrido el salario, además de situaciones coyunturales asociadas al aumento de los precios del petróleo, las crisis agrícolas, los cambios climáticos y los problemas sanitarios se ve reflejado en un aumento de las condiciones de pobreza y por consiguiente, en una decaída en la posición en el GFSI, situándose en lugar 45 del índice global, mientras que a nivel Latinoamérica se encuentra entre los cinco países con mayor seguridad alimentaria (Lucas, 2021; López-Salazar & SandovalGodoy, 2018).

Se sabe que los cambios ocasionados por el cambio climático sobre los modelos de producción agrícola causan afectaciones en los medios de subsistencia y la capacidad de acceso a los alimentos (MonterrosoRivas et al., 2016), por lo que la Asamblea General de la Organización de las Naciones Unidas estableció los Objetivos del Desarrollo Sostenible (ODS), en estos se plantean erradicar el hambre y la desnutrición, como una manera de hacer frente a la inseguridad alimentaria mediante el desarrollo de la agricultura sostenible y la adopción de patrones alimentarios saludables(López-Salazar & Sandoval-Godoy, 2018). Una alternativa viable a ello es el desarrollo de la acuaponía, que será descrita posteriormente.

B. Sistemas de producción acuapónicos

1. La Acuaponía como sistema agroalimentario sustentable

El término “acuaponía” es un acrónimo de acuicultura e hidroponía. Es un método que utiliza un enfoque sinérgico y no convencional en el que se combinan dos tecnologías: la acuicultura y la hidroponía. En ella los peces y las plantas forman un sistema integrado en el que las plantas se usan como parte de la bioadaptación al desempeñar un papel de filtro biológico para eliminar los sólidos disueltos y transformar nuevamente el agua en el medio adecuado para la acuicultura. Ha sido desarrollada con el fin de disminuir el flujo de desechos producidos en la acuicultura y mejorar la eficiencia en el uso del agua y nutrientes y por lo tanto tener mayor sostenibilidad y menor impacto ambiental (El-Essawy *et al.* 2019; Khiari *et al.* 2019; Love *et al.* 2015; Love *et al.* 2014; Maucieri *et al.* 2018; Schmutz *et al.* 2016; Wu *et al.*2019; Yep & Zheng, 2019; Zuluaga-González & Martínez-Yáñez, 2017).

Los sistemas acuapónicos (AP) son sistemas sostenibles para la producción de alimentos en circuito cerrado. En ellos los peces y las plantas crecen sincrónicamente en sistemas de recirculación de agua. Las plantas toman el nitrógeno y fósforo requerido para su crecimiento de los desechos metabólicos producidos por los peces y posteriormente lo transforman a través de bacterias que se encuentran en sus raíces. Cabe resaltar que sus componentes técnicos esenciales son tres tipos de organismos vivos: peces, bacterias benéficas y plantas, y entre sus características más importantes se encuentra la dependencia de las bacterias y sus productos metabólicos (Alcarráz-Quispe *et al.* 2018; El-Essawy *et al.* 2019; König *et al.* 2016; Khiari *et al.* 2019; Love *et al.* 2015; Love *et al.* 2014; Maucieri *et al.* 2018; Schmutz *et al.* 2016; Wu *et al.*2019; Zou *et al.* 2016).

a) Tipos de sistemas acuapónicos

Los sistemas se clasifican de acuerdo con la forma en que las plantas reciben soluciones nutritivas en los sistemas hidropónicos (Adler *et al.* 2000; El-Essawy *et al.* 2019; König *et al.* 2016; Zou *et al.* 2016) y de acuerdo con la profundidad de la capa líquida de nutrientes (Wei *et al.* 2019).

- Técnica de película nutritiva (NFT): este método proporciona la posibilidad de tener un control preciso del entorno de la raíz. Su principio básico es hacer que una película poco profunda de solución nutritiva fluya desde el extremo superior al inferior del canal de siembra a través de la gravedad; se emplean tubos de plástico dispuestos horizontalmente y el agua es bombeada desde el biofiltro a cada tubería hidropónica con un pequeño flujo equivalente al tamaño del cultivo y del canal (el caudal de entrada varía de 1-3 litros por minuto), las tuberías hidropónicas contienen una serie de agujeros a lo largo de la parte superior donde se colocan las plantas para crecer. El flujo de la solución nutritiva tiene contacto directo con las raíces al pasar a través entre éstas y disminuye la capa superficial estancada que rodea a cada raíz, lo que a su vez mejora la transferencia masiva de nutrientes a la superficie de la raíz y permite a los cultivos mantener una alta productividad (Adler *et al.* 2000; El-Essawy *et al.* 2019; Wei *et al.* 2019).

En comparación con otros métodos éste puede lograr mejores resultados en el cultivo de vegetales, además de contar con ventajas como una fácil automatización del proceso de producción, requiere un volumen menor de solución nutritiva y ofrece un control más personalizado de la nutrición de las plantas. En contraste cuenta con desventajas como los elevados costos de operación, estrictos requisitos técnicos y una baja estabilidad, además que, la absorción la solución nutritiva por las raíces puede verse afectada por fallas del sistema o de energía (El-Essawy *et al.* 2019; Wei *et al.* 2019).

- Balsa flotante o cultivo en agua profunda (DWC): El método involucra plantas en láminas de espuma de poliestireno que flotan sobre la cama de cultivo con un suministro de aire. Es más comúnmente empleado para grandes cultivos acuapónicos comerciales en los que crece un cultivo específico como hortalizas (El-Essawy *et al.* 2019).
- Camas de medio (Media-filled bed systems): El medio consta de lechos de cultivo que se utilizan para apoyar las raíces de las plantas, así como para filtración. Es el diseño más empleado a pequeña escala, ya que es eficiente con el espacio, con un costo relativamente bajo y adecuado para principiantes debido a su simple diseño (El-Essawy *et al.* 2019).
- Técnica de flujo profundo (DFT): Es la primera tecnología hidropónica exitosa utilizada en la producción de plantas comerciales, este método utiliza una capa profunda de solución nutritiva que circula continuamente a través de las raíces vegetales. Este método asegura el suministro continuo de agua y nutrientes a los cultivos y el suministro continuo de oxígeno fresco a las raíces.

El sistema DFT consta de bandejas de PVC (cloruro de polivinilo) con una longitud de 4 m, un ancho de 0.15 m y una profundidad de 0.20 m y está regulado por medidores de flujo y bombas eléctricas a una velocidad de 60 L min⁻¹ (Wei *et al.* 2019).

En comparación con el sistema NFT, el sistema DFT tiene una capa de solución nutritiva más profunda, lo que dificulta cambiar drásticamente los parámetros de la solución. El sistema proporciona un entorno de crecimiento estable para las raíces y no necesita bombas para proporcionar la solución nutritiva para las plantas. Por lo general, este método es adecuado para cultivos de cosecha única. En comparación con los sistemas hidropónicos tradicionales, es más ventajoso su uso en sistemas acuapónicos (Wei *et al.* 2019).

- Hidroponía capilar flotante (FCH): Utiliza una pieza de espuma plástica con tela no tejida en una capa de solución nutritiva más profunda y hace que las raíces crezcan sobre ésta mientras se recircula la solución nutritiva. Cuenta con las ventajas de una menor inversión y por consiguiente un menor costo, ahorro de energía y aplicabilidad práctica y amplia del sistema; este método supera las deficiencias del NFT, entre las que se encuentra una disminución en energía requerida debido a que el tiempo del funcionamiento de la bomba se reduce a una cuarta parte, el entorno de la rizosfera es estable y el suministro de oxígeno es suficiente. En este sistema, el cambio en la temperatura del líquido es pequeño, por lo que su aplicabilidad es más amplia (Wei *et al.* 2019).

b) Ventajas y limitaciones de los sistemas acuapónicos **Ventajas**

Los sistemas sin suelo ofrecen varias ventajas en comparación con la agricultura tradicional, proporcionando una solución más sostenible para el cultivo de alimentos (Bartelme *et al.* 2019; Cohen *et al.* 2018).

Entre las ventajas que presenta la acuaponía se encuentran: a) la reducción de la utilización de nutrientes respecto a cultivos agrícolas. Se sabe que las concentraciones de nutrientes se aproximan a los empleados en sistemas hidropónicos, las concentraciones de nutrientes solubles reportadas difieren ampliamente con concentraciones de nitrato que varían de 21 a 62 mg · L⁻¹ y concentraciones de fosfato que varían de 0.7 a

10.3 mg · L⁻¹ (Khiari *et al.* 2019; König *et al.* 2016); b) una menor huella hídrica y menor uso energético. El cocultivo de plantas y peces en sistemas da como resultado una reducción significativa en el impacto ambiental con una reducción en el consumo de agua en casi un 90% con respecto a la agricultura convencional y al ser aislada de las vías fluviales vecinas se reducen las preocupaciones sobre la eutrofización (Bartelme *et al.* 2019; Cohen *et al.* 2018; König *et al.* 2016; Maucieri *et al.* 2018); c) en sistemas acuapónicos los contaminantes convencionales del suelo no son relevantes para los cultivos, por lo que se observa una reducción en el uso de fertilizantes, además de un mayor control sobre el manejo de plagas (Bartelme *et al.* 2019; Wu *et al.* 2019); d) reducción de costos, el sistema puede beneficiar la operación acuícola al mejorar la calidad del agua recirculada o al reducir los costos asociados con el tratamiento de efluentes (Buzby *et al.* 2016; Khiari *et al.* 2019) y e) mayor sostenibilidad, la vinculación del cocultivo de peces con plantas permite que se reduzcan los insumos requeridos. Rakocy y col. (2003), sugirieron que tanto la acuaponía discontinua como la escalonada producen un mayor rendimiento y generan más ganancias económicas que los sistemas de cultivo de suelo (Buzby *et al.* 2016; Wu *et al.* 2019).

Limitaciones

A pesar de las ventajas previamente citadas, los sistemas acuapónicos plantean una serie de desventajas entre las que destacan: a) propagación de plagas y patógenos a través de los desechos del metabolismo de los peces; b) una fuerte dependencia a la energía eléctrica. El consumo de esta puede variar según la ubicación geográfica del sistema, en climas más cálidos se requiere administrar menor calor y electricidad para la suplementación de iluminación en comparación con la que debe suministrarse en lugares con clima más frío y con menos horas de luz (Wu *et al.* 2019); c) Se generan cantidades significativas de residuos sólidos y efluentes líquidos, los desechos sólidos se componen principalmente por alimento no consumido y excremento producido por los peces. Este último puede significar un problema ambiental debido a que se tienen menos estudios sobre estiércol producido por organismos acuáticos en comparación con el ganado de sangre caliente (Khiari *et al.* 2019); d) Liberación de óxido nitroso al ambiente, la nitrificación juega un papel clave en los sistemas acuapónicos y a partir de ésta se genera óxido nitroso (N₂O), el tercer gas de efecto invernadero más grande con un potencial de calentamiento global 296 veces mayor que el CO₂ (Zou *et al.* 2016); e) los costos iniciales de producción son considerablemente altos y sus implicaciones económicas son críticas al evaluar su uso potencial en sistemas de gran escala (El-Essawy *et al.* 2019; Wu *et al.* 2019); f) los requisitos un tanto contrastantes entre peces, plantas y bacterias hacen que sea difícil lograr el máximo potencial de rendimiento, además que los sistemas acuapónicos tienden a ser rentables solo cuando se operan con un programa de producción centrado en la planta y, por lo tanto, no ofrecen los mismos beneficios que el RAS para producción de la pesca de captura (Bartelme *et al.* 2019; König *et al.* 2016).

2. Calidad del agua en el sistema de producción acuícola

Es esencial el monitoreo y el control del medio ambiente y los componentes de un sistema acuapónico para garantizar una estable operación de este. Se realiza el control preciso de los nutrientes y el crecimiento saludable de los peces y los vegetales para así incrementar la eficiencia del sistema (Wei *et al.* 2019).

La operación paralela del sistema acuícola e hidropónico hace que sea de extrema importancia el monitoreo y control del medio ambiente tanto de los peces como de los vegetales. Para obtener y mantener cultivos óptimos, equilibrados y seguros en el sistema además de asegurar el crecimiento estable y saludable de peces es necesario supervisar y controlar parámetros ambientales como la temperatura, la humedad, el dióxido de carbono y la luz en tiempo real (Wei *et al.* 2019).

a) Control de la calidad del agua

El agua es el medio en común en ambos sistemas que transporta compuestos nitrogenados como amoníaco, nitrato, nitrito y otros nutrientes disueltos como fósforo, potasio y algunos otros elementos; estos nutrientes disueltos son absorbidos por las raíces, así optimizando el uso de nutrientes y agua reduciendo los desechos generados por los pescados y así el impacto ambiental que generan (Munguia-Fragozo *et al.* 2015).

En un sistema acuapónico la calidad del agua tiene un impacto importante tanto en los vegetales como en los organismos acuáticos. Entre los factores que pueden afectar la calidad de ésta se encuentran la tasa de alimentación de los peces, su tasa de crecimiento y algunas fluctuaciones ambientales. Por lo tanto, es necesario monitorear y ajustar los siguientes parámetros dependiendo de las necesidades fisiológicas de las especies a cultivar: temperatura, pH, salinidad, fosfato, nitrato, amoníaco y el oxígeno disuelto. Cada uno de estos parámetros tiene limitaciones específicas y es necesario obtener un equilibrio dinámico (Wei *et al.* 2019; Zuluaga-González & Martínez-Yáñez, 2017).

La bioconversión de compuestos nitrogenados es de gran importancia en los sistemas acuapónicos. La entrada primaria de nitrógeno en el sistema es a través de los alimentos que los peces comen de forma casi cuantitativa, éstos retienen un bajo porcentaje de los nutrientes contenidos en el alimento administrado y se ha estimado que el componente hidropónico utiliza por lo menos el 50% del total de nutrimentos presentes en el alimento. El excremento de los peces contiene grandes cantidades de amonio y en los sistemas acuapónicos las plantas tienen capacidad para la degradación del nitrato, de tal modo que el amonio puede ser tóxico para plantas y animales a ciertas concentraciones (Alcarraz-Quispe *et al.* 2018; Schmutz *et al.* 2016; Yep & Zheng, 2019). Por lo tanto, en los RAS se han implementado componentes para capturar y eliminar productos de desecho sólidos y nitrogenados antes de regresar el agua al tanque de producción (Bartelme *et al.* 2019). Para la purificación del agua se aplican principalmente filtros biológicos, que efectúan la eliminación de productos de desecho, principalmente el amoníaco, a través de acción bacteriana (Naegel, 1977, Bartelme *et al.* 2019; Zuluaga-González & Martínez-Yáñez, 2017). El biofiltro nitrificante a menudo se considera el componente microbiano más importante de un RAS, ya que, sin su conversión de amonio en nitrato, su concentración acumularía rápidamente a valores tóxicos para los peces (Bartelme *et al.* 2019). El amonio es producido por los peces a través del catabolismo de los aminoácidos, para mantener la concentración de amonio baja en su cuerpo lo excretan a través de sus branquias y la orina; según ZuluagaGonzález & Martínez-Yáñez (2017), la acumulación de los desechos metabólicos de los peces en el agua "puede ocasionar en estos, daños en tejidos especialmente en riñones y branquias, cambio de la celularidad en sangre aumentando eritroblastos con decreción de leucocitos, nado errático, incremento de cortisol relacionado con el proceso estresante y con ello retraso del crecimiento, predisposición a enfermedades, hipereixitabilidad, convulsiones, coma y finalmente la muerte".

b) Nitrógeno.

Ciclo del Nitrógeno

Después de la eliminación de los desechos sólidos a través de un filtro mecánico, las raíces de las plantas toman nutrientes de los desechos de los peces presente en el agua y los absorben como fertilizantes para el cultivo hidropónico, esto mediado por el bioproceso de la nitrificación (El-Essawy *et al.* 2019).

El proceso de nitrificación ocurre tanto en los ecosistemas terrestres como acuáticos y consiste en la oxidación de amoníaco a nitrato en dos pasos, cada uno mediado por un grupo altamente específico de bacterias quimiolitotróficas (Collins *et al.* 1975). El nitrógeno es un elemento vital para todos los organismos vivos. En acuaponía, el alimento para peces que contiene un alto contenido de proteínas se agrega al sistema y es digerido por los peces, la mayor parte del nitrógeno se excreta en forma de amoníaco total (TAN) que es tóxico para

los peces (Zou *et al.* 2016). En el bioproceso de la nitrificación, el nitrógeno orgánico es primeramente convertido en amonio (NH_4^+) por microorganismos heterotróficos, después el amonio es oxidado por bacterias nitrificantes en nitrito (NO_2^-) y posteriormente convertido en nitrato (NO_3^-) usando oxígeno molecular (O_2) como un receptor de electrones (Khiari *et al.* 2019; Zou *et al.* 2016).

La hidroponía actúa como un biofiltro que elimina el amoníaco, nitratos, nitritos y el fósforo, para posteriormente recircular el agua al tanque de producción (El-Essawy *et al.* 2019). La absorción del nitrógeno del fósforo por parte de las plantas representa solo una fracción de la cantidad eliminada del agua, lo que indica que los procesos microbianos en la zona de la raíz de las plantas y en el sustrato (si está presente) juegan un papel fundamental (Maucieri *et al.* 2018).

Factores que afectan al ciclo del nitrógeno

Las condiciones presentes durante el bioproceso afectan significativamente la eficiencia de la digestión aeróbica de los desechos sólidos orgánicos. Altas concentraciones de los metabolitos excretados por los peces o patógenos microbianos tienen el potencial de reducir el rendimiento del sistema acuapónico, así como las condiciones ambientales (Khiari *et al.* 2019; Wu *et al.* 2019).

Las condiciones presentes durante el bioproceso afectan significativamente la eficiencia de la digestión aeróbica de los desechos sólidos orgánicos. Se sabe que concentraciones altas de los metabolitos excretados por los peces o patógenos microbianos tienen el potencial de reducir el rendimiento del sistema acuapónico, y las condiciones ambientales (por ejemplo, pH del agua y temperatura) son factores limitantes para la nitrificación (Khiari *et al.* 2019; Wu *et al.* 2019).

El pH es tal vez el factor de regulación más importante dentro de los sistemas acuapónicos, es necesario equilibrarlo y optimizarlo tanto para los peces, las plantas y los microorganismos al mismo tiempo (Khiari *et al.* 2019; Munguia-Fragozo *et al.* 2015; Zou *et al.* 2016; Wu *et al.* 2019). Por lo general, el pH recomendado para el cultivo de plantas es ligeramente ácido (5.5–5.8), mientras que el pH óptimo para la nitrificación es 7.5–8.0. Los peces pueden tolerar un amplio rango de pH, y el pH óptimo difiere según la especie. En acuaponía proporcionar el pH óptimo para cada parte es imposible, pero es necesario conocer el rango de pH óptimo para el mejor rendimiento general (Zou *et al.* 2016). Se sabe que el pH afecta críticamente la actividad de las bacterias oxidantes de amonio, la nitrificación se ve inhibida a un pH inferior a 6.45 y superior a 8.95 (Khiari *et al.* 2019). En 1972, Haug y McCarty reportaron que la nitrificación disminuye a un pH de 6.0 y cesa completamente por debajo del pH 5.5, sin embargo, no parece ser tóxico para las bacterias nitrificantes, por lo tanto, podría postularse que si el pH del sistema de recirculación aumentara por encima de 6.0, se reanudaría la nitrificación. Sin embargo, si el pH se eleva repentinamente en un sistema de recirculación con una alta concentración de amoníaco total, la concentración de amoníaco no ionizado aumentaría inmediatamente y comenzaría la rápida oxidación del amoníaco, lo que rápidamente da como resultado una alta concentración de nitrito. Ambos cambios serían perjudiciales, si no fatales, para los peces (Collins *et al.* 1975; Zou *et al.* 2016). Por otro lado, se ha demostrado que la nitrificación apenas ocurre a temperaturas altas (Khiari *et al.* 2019).

Eliminación de los productos nitrogenados

En un AP, las comunidades microbianas son actores clave en los procesos centrales de su funcionamiento y equilibrio. Son importantes en el mismo orden de magnitud que los peces debido a que están directamente involucradas en las actividades de estos y de las plantas, además de, poseer un efecto sobre la calidad del agua del sistema (Munguia-Fragozo *et al.* 2015), por lo tanto, participan en la dinámica de conversión de nutrientes convirtiendo amonio en nitrato (Maucieri *et al.* 2018; Munguia-Fragozo *et al.* 2015; Wu *et al.* 2019), pero también contribuyen en otros procesos importantes tales como la extracción de diversos macro y

micronutrientes de los residuos de alimentos y las heces sólidas, la solubilización de nutrientes englobados en compuestos sólidos, como los fitatos, en el procesamiento de partículas y desechos disueltos en el sistema, así como en diversas vías de promoción y protección del crecimiento vegetal, como el control biológico o la mejora del crecimiento de las raíces (Eck *et al.* 2019; Maucieri *et al.* 2018).

Las comunidades microbianas son el nexo entre los desechos generados por el componente acuícola, que contienen una alta concentración de amonio, con el componente hidropónico en forma de fertilizante para la planta, con bajo contenido de amonio y alto contenido de nitrato (Munguia-Fragozo *et al.* 2015; Schmutz *et al.* 2016).

Hasta ahora, los procariontes nitrificantes son el grupo de importancia ambiental mejor estudiado, incluidos los procariontes oxidantes de amonio y los oxidantes de nitrito, los cuáles serán descritos posteriormente. Se conoce que estas se multiplican en el sustrato con las raíces de las plantas realizando ciclos de nutrientes y son el elemento esencial del proceso de nitrificación que transfiere los desechos del metabolismo de los peces a nutrientes adecuados para las plantas (El-Essawy *et al.* 2019; Munguia-Fragozo *et al.* 2015; Schmutz *et al.* 2016).

Entre las reacciones más importantes llevadas a cabo por bacterias nitrificantes, se encuentran los procesos de nitrificación, amonificación, reducción de nitrato y desnitrificación. Otros metabolismos microbianos están involucrados en la proteólisis y la reducción de sulfato. Las poblaciones se distribuyen según el metabolismo respiratorio determinado en anaerobios, aerobios estrictos, microaerobios y aerobios facultativos. En general, el enfoque más común para la eliminación de nitrógeno del agua se basa en los procesos de nitrificación autótrofa aeróbica y nitrificación heterotrófica anaeróbica (Munguia-Fragozo *et al.* 2015).

Los organismos autótrofos usan CO₂ como fuente de carbono y compuestos inorgánicos de nitrógeno, azufre o hierro como fuente de energía, mientras que, los organismos heterotróficos usan carbohidratos, aminoácidos, péptidos y lípidos como fuente de carbono y energía. En el sistema, este tipo de microorganismos mineraliza la materia orgánica de los alimentos no consumidos, las excretas de especies acuáticas y los detritos. La nitrificación autótrofa elimina el amoníaco a una velocidad suficiente para mantener la calidad del agua a un nivel que evite la toxicidad del amoníaco en los peces. Sin embargo, los autótrofos son vulnerables a altas cargas de amonio y materia orgánica. Para superar esta última situación, la eliminación de amoníaco se encuentra en un nivel muy bajo de eliminación, posteriormente se necesitan más componentes en el sistema para una eliminación óptima de amonio y luego se crean pasos adicionales en la oxidación de nitrógeno (Munguia-Fragozo *et al.* 2015).

Por otro lado, las bacterias heterotróficas constituyen un factor importante en términos de consumo de O₂ y compiten con las bacterias autótrofas. Se sospecha que algunas poblaciones de estas bacterias tienen un efecto positivo contra las bacterias patógenas. Exhiben mayores tasas de crecimiento que los autótrofos y pueden usar sustratos orgánicos como fuente de carbono y energía para convertir el amonio en gas nitrogenado en condiciones aeróbicas (nitrificación heterotrófica). El carbono orgánico disuelto acumulado es la fuente principal de carbono para las bacterias heterótroficas. Altas concentraciones de carbono orgánico afectan negativamente la producción de nitrato, lo que significa que la concentración de nitrito se mantiene baja. Algunas cepas de nitrificadores heterótroficas mostraron la capacidad de utilizar nitrito y nitrato como fuente de nitrógeno para el crecimiento y como fuente de energía para la desnitrificación (Munguia-Fragozo *et al.* 2015).

Dentro de este grupo, las bacterias oxidantes de amonio (AOB) tales como *Nitrosomonas* sp, *Nitrosococcus* sp, y *Nitrospira* sp, que convierten el amonio en nitrito, generalmente forman agrupaciones densas y su

presencia está razonablemente relacionada con el contenido de oxígeno (Munguia-Fragozo *et al.* 2015; Schmutz *et al.* 2016). Este grupo de bacterias quimiolitotróficas estaba restringido a dos linajes evolutivamente distintos de la clase Proteobacterias, aunque también se conocen arqueas oxidantes de amonio (Schmutz *et al.* 2016).

La conversión de nitrito a nitrato, nutriente principalmente consumido por las plantas para su crecimiento, es mediado por las bacterias oxidantes de nitrito (NOB) tales como *Nitrospira* sp., *Nitrobacter* sp., *Nitrococcus* y *Nitrospina* (Eck *et al.* 2019; El-Essawy *et al.* 2019; Munguia-Fragozo *et al.* 2015; Schmutz *et al.* 2016), Estos grupos bacterianos, forman agregaciones menos densas en comparación con las AOB. Por otro lado, además de presentarse en el componente hidropónico, suelen encontrarse distribuidas en el biofiltro. La NOB dominante en la mayoría de los sistemas es *Nitrospira* sp, que puede ser detectada en bajas concentraciones por debajo de la interfaz óxico-anóxica, y, en comparación con *Nitrobacter*, utiliza oxígeno más eficientemente (Munguia-Fragozo *et al.* 2015).

Por otro lado, se conocen algunas poblaciones de *Nitrospira* que pueden realizar la transformación completa de amoníaco en nitrato, y se conocen como oxidantes completos de amoníaco (COMAMMOX). Asimismo se tiene conocimiento de organismos que realizan la oxidación anaeróbica de amonio (ANAMMOX) por ejemplo, miembros de *Planctomycetes*, que intervienen en la oxidación del amonio en condiciones con bajos niveles de oxígeno (Eck *et al.* 2019).

Sin embargo, la comunidad microbiana total en diferentes compartimentos de los sistemas acuapónicos todavía no ha sido caracterizada (Munguia-Fragozo *et al.* 2015; Schmutz *et al.* 2016).

3. El protagonismo de la Tilapia en los sistemas acuapónicos

La tilapia (*Oreochromis*) es un pez de agua dulce que pertenece a la familia “*Cichlidae*”, nativa de África oriental, se le considera la segunda especie más cultivada del mundo en lo que al agua dulce se refiere. Su nombre común es Tilapia, sin embargo, este también se utiliza para describir tres géneros de peces; *Tilapia*, *Sarotherodon* y *Oreochromis*. De manera natural se les encuentra en lagos y lagunas africanos, el río Nilo, algunas zonas de Israel, Palestina y Siria (Girón-Ovalle, 2018).

O. mossambicus, se distribuyó ampliamente por todo el mundo durante las décadas de 1940 y 1950 pero su diseminación ocurrió durante la década de 1960 y hasta los años 80s. En México la primera introducción de tilapias fue el 10 de julio de 1964, en la estación piscícola de Temascal, Oaxaca, con individuos procedentes de la universidad de Alabama, EE.UU. Las especies que se incluyeron en esta introducción fueron en aquel tiempo: *Tilapia aurea*, *T. melanopleura* y *T. mossambica* y posteriormente en 1978 se introdujo la *T. nilotica* en el mismo sitio procedente de Panamá (Girón-Ovalle, 2018; INAPESCA & SAGARPA, 2012; PérezGómez & Sánchez-Jiménez, 2016).

La propagación por el resto del país se dio de forma muy rápida principalmente en las zonas tropicales, la principal razón de introducción fue el obtener una proteína animal de alta calidad a un bajo costo, específicamente en las zonas rurales (Girón-Ovalle, 2018; INAPESCA & SAGARPA, 2012; Pérez-Gómez & Sánchez-Jiménez, 2016). Actualmente se cultiva en 31 estados de la República Mexicana, siendo los mayores productores Chiapas, Tabasco, Guerrero, Estado de México y Veracruz (INAPESCA & SAGARPA, 2012).

Las tilapias son una de las especies de agua dulce más populares en todo el mundo, su cultivo es uno de los más rentables dentro de la acuicultura debido a su rápido crecimiento, amplia resistencia a enfermedades, resistencia a patógenos y parásitos, elevada productividad – tienen un porcentaje de sobrevivencia del 7580%

en sistemas semi intensivos y de 80-95% en intensivos–, tolerancia al estrés y a condiciones diversas de calidad de agua, así como por su aceptación de una amplia gama de alimentos naturales y artificiales (GirónOvalle, 2018; INAPESCA & SAGARPA, 2012; Pérez-Gómez & Sánchez-Jiménez, 2016)

Por lo anterior, se le considera como una especie adecuada para su cultivo en sistemas de recirculación como en el caso de la acuaponía. Entre las condiciones para su cultivo se deben considerar las siguientes (GirónOvalle, 2018):

- **Potencial de Hidrógeno:** La tilapia está adaptada a amplios intervalos de pH pero se ha observado que crece mejor en aguas de pH neutro o levemente alcalino, el pH óptimo reportado es de 7.5 con límites de >6.5 - <8.5. Su crecimiento se reduce en aguas ácidas y toleran hasta un pH de 5. Los niveles bajos de pH producen mortalidad en un periodo de 3 a 5 horas, por fallas respiratorias y cutáneas (GirónOvalle, 2018; INAPESCA & SAGARPA, 2012; Valenzuela, Martínez, & Arevalo, 2018).
- **Temperatura de agua:** La temperatura del agua actúa como modificador metabólico en los peces, la temperatura óptima para su desarrollo es de 24°C - 29°C, como límite <22<32°, lo que garantiza una tasa de crecimiento favorecedora. Si la temperatura disminuye a 20 °C, el pez deja de comer y a temperaturas menores de 11 °C, es letal. Ante cambios repentinos de 5 °C, el pez se estresa deja de comer y puede morir (Girón-Ovalle, 2018; INAPESCA & SAGARPA, 2012; Pérez-Gómez & Sánchez-Jiménez, 2016; Valenzuela, Martínez, & Arevalo, 2018).
- **Oxígeno disuelto:** indica la cantidad de oxígeno molecular que se encuentra presente en el agua. la concentración óptima de este es de <5 mg/L con límite de >3mg/L. Sin embargo, tiene una tolerancia a bajas concentraciones, a una presión parcialmente baja es capaz de saturarse de oxígeno y más aún, de reducir su consumo si la concentración es inferior a 3 mg/l usando un metabolismo semi-anaerobio, soportando niveles de 1 mg/l e incluso menor por períodos cortos, pero es importante recalcar que a concentraciones menores al óptimo el crecimiento disminuye (GirónOvalle, 2018; INAPESCA & SAGARPA, 2012; Pérez-Gómez & Sánchez-Jiménez, 2016; Valenzuela, Martínez, & Arevalo, 2018).
- **Nitrato NO₃:** No tiene un efecto inmediato sobre la tilapia. Tolera niveles de 400 mg/L, sin embargo, se ha reportado que peces expuestos a altos niveles de nitrato disminuyeron considerablemente su actividad inmunológica. Se recomienda que oscile entre 5 y 150 mg/L (Girón-Ovalle, 2018).
- **Nitrito NO₂:** Es tóxico para los peces, mermando la capacidad de la hemoglobina para transportar oxígeno dentro del torrente sanguíneo. Se ha reportado como concentración óptima 4.6, ha concentraciones de 0.25 mg se ve afectada la salud de los peces, incluso arriba de esta concentración se pueden producir muertes rápidamente (Girón-Ovalle, 2018; Valenzuela, Martínez, & Arevalo, 2018)
- **Amonio NH₄:** Es tóxico a concentraciones de 2.5 y 7.1 mg/L, inclusive con valores de 0.08 mg/L los peces han mostrado apetito deficiente; por lo tanto, se recomienda un valor por debajo de 0.05 mg/L de la forma no ionizada o tóxica del amonio (Girón-Ovalle, 2018).
- **Requerimientos nutricionales:** son omnívoras por lo que pueden consumir alimentos a base de plantas y/o animales. Entre los alimentos que han recibido se encuentra la lenteja de agua, plantas con alto contenido proteico y peces, incluso pueden consumir alimento peletizado y extruído (flotante) con altas concentraciones de fibra y carbohidratos variando únicamente el contenido de proteínas según la etapa del cultivo a diferencia de otros peces (Girón-Ovalle, 2018; INAPESCA & SAGARPA, 2012)

C. Producción de Fresa

La fresa es una planta octoploide perteneciente a la familia de las rosáceas, subfamilia rosoidea y género *Fragaria*, dentro de las más de 160 especies del género *Fragaria* se puede mencionar el híbrido resultante del cruce de *Fragaria chiloensis* –originaria de Chile– y *Fragaria virginiana* –originaria de Estados Unidos –, dando como resultado *Fragaria ananassa* nombre con el que se conoce todas las variedades de fresa (AnguloCarmona, 2009; Girón-Ovalle, 2018)

Su introducción en México fue en el año 1849, llegando a Irapuato en 1852 mientras que su propagación cobro fuerza hasta el año de 1880 cuando se les capacito a los agricultores para su cultivo de forma técnica (GirónOvalle, 2018). Desde entonces su cultivo a través del territorio nacional cobró relevancia, siendo un 2.9% de la producción total de frutas del país y representando el 1.14% del PIB agrícola nacional, se satisface al 100% los requerimientos nacionales con la producción interna; asimismo, las importaciones mundiales han aumentado 35.55% en la última década, posicionando a México como el segundo principal productor en el mundo (SAGARPA, 2017).

1. Botánica y condiciones de cultivo

Botánica

La fresa es una planta perenne, herbácea. Su raíz es fasciculada debido a que de la base del tallo salen muchas raíces del mismo largo formando una frondosa cabellera, las raíces emergen de la base de la corona, donde entra en contacto con el sustrato. Las raíces adventicias (aquellas que emergen fuera de su sitio habitual, es decir, de la semilla), surgen de la corona en el periciclo empujando a través de la corteza y comienzan la ramificación a 2-5 cm, por lo que si el agua está disponible guardarán la ramificación en una masa fibrosa. En general, hay 20-30 raíces primarias y cientos de raíces secundarias y terciarias, son superficiales ya que profundizan máximo 30 cm, desarrollando la mayor actividad en los primeros 20 cm de éstas. Su tallo es herbáceo, tierno y flexible y está constituido por un eje corto de forma cónica llamado corona de la cual emergen hojas, raíces, estolones e inflorescencias. Sus hojas son pinnadas, trifoliadas, con estípulas en su base, de color verde oscuro y están dispuestas en forma de espiral; cada sexta hoja se encuentra por encima de la primera, en la parte superior de cada hoja a lo largo de la corona se encuentra una yema axilar, que puede producir estolones o permanecer inactiva, dependiendo de las condiciones ambientales. Las flores son blancas, típicamente tienen 10 sépalos, 5 pétalos y 20-30 estambres y 60 a 600 pistilos; pueden ser perfectas y hermafroditas o imperfectas y unisexuales. La mayor parte de las fresas cultivadas comercialmente poseen flores perfectas y hermafroditas, agrupándose en inflorescencias las cuales poseen un eje primario (conjunto de flores que salen del mismo brote) La inflorescencia típica posee un eje primario, dos secundarios, cuatro terciarios y ocho cuaternarios, llevando cada eje en su extremo una flor, pero cada variedad puede presentar diferentes tipos de inflorescencias; el mayor número de pistilos se encuentran en las flores primarias, disminuyendo respectivamente en primarias a cuaternarios y su polinización es por insectos, principalmente por abejas. El fruto se origina en el racimo floral que depende directamente del tallo, es un agregado, es decir, compuesto por numerosos ovarios, cada uno con un solo óvulo, las semillas resultantes son llamados aquenios y son el verdadero fruto de la fresa (Pérez-Gómez & Sánchez-Jiménez, 2016; Angulo-Carmona, 2009).

Condiciones climáticas

Se cultiva con una amplia adaptación a diferentes climas, en climas templados, en latitudes bajas de los trópicos y altas de los subtropicos. Se ha reportado un mejor potencial en zonas cálidas, libres de vientos y heladas debido que estas últimas ocasionan un deterioro notable en su sistema reproductor y sin precipitación durante el periodo de cosecha. La temperatura óptima de crecimiento de la planta es de 15 a 25 °C, mientras que, para

la producción de hojas es de 15 y 26 °C; por otro lado, las raíces se producen más abundantemente en primavera y otoño cuando temperaturas son frescas, teniendo como temperatura óptima 17-24 °C (Angulo-Carmona, 2009; INIA & INDAP, 2017; Pérez-Gómez & Sánchez-Jiménez, 2016).

Condiciones Hídricas

Su cultivo requiere un abastecimiento hídrico constante, debido a que las plantas tienen un sistema radicular muy superficial, se requieren suministros permanentes de agua, es indispensable contar con un buen sistema de riego ya que éste debe ser riego preferentemente es localizado y de alta frecuencia (y bajo volumen por riego) y cuidado la calidad del agua suministrada ya que la planta es muy sensible a elementos químicos. El factor más importante implicado en el rendimiento de cultivos es la sequía, el estrés hídrico temprano tiene un efecto negativo en el número de flores, mientras que, durante la cosecha reduce el tamaño de los frutos y su rendimiento (Angulo-Carmona, 2009; INIA & INDAP, 2017; Pérez-Gómez & Sánchez-Jiménez, 2016).

El riego y la fertilización son factores clave en el buen desarrollo y éxito del cultivo de la fresa, por lo tanto, es indispensable contar con un sistema de riego bien sea por medio de cinta o tecnificado por goteo, éste último además tiene la ventaja de una aplicación óptima de los fertilizantes por un sistema de fertirrigación (Angulo-Carmona, 2009; INIA & INDAP, 2017).

2. Cultivo acuapónico de fresa

Debido a problemas fitosanitarios especialmente relacionados con hongos como *Botrytis cinerea*, a bacterias como *Xanthomonas* sp., y al daño causado por babosas y ácaros, el cultivo hidropónico de fresa se ha convertido en una opción viable. Como se mencionó previamente, en los sistemas hidropónicos (componente que integra el sistema acuapónico) se reducen los problemas de enfermedades tanto de hongos como de bacterias y de artrópodos plaga; además la calidad de la fruta aumenta ya que hay mayor aireación y mejor disponibilidad de nutrientes. En la tabla 1 se muestran algunas consideraciones que se deben tomar para el cultivo de fresa en un sistema acuapónico (Angulo-Carmona, 2009).

Tabla 1

Consideraciones por tomar en el cultivo acuapónico de fresa

Factor por considerar	
Potencial de Hidrógeno	Se debe establecer un pH en el que el sistema se encuentre en equilibrio. El pH óptimo para la absorción de los nutrientes por la fresa es de 6.0-6.5, por debajo de 5.5 se observa bloqueo de hierro, calcio y magnesio.
Temperatura ambiental	La temperatura y la humedad tienen una gran repercusión en los procesos fisiológicos de la fresa, así como su crecimiento, desarrollo y floración. La temperatura óptima es entre 14 y 26 °C con una humedad relativa entre el 55 y 70%; Si la temperatura supera los 30°C, se puede presentar una disminución del tamaño y peso de la fresa, además de infertilidad en el polen y óvulos.
Oxígeno disuelto	Es indispensable mantener un nivel de oxígeno disuelto superior a 3mg/L en el agua, este será aprovechado por los tallos y hojas de las plantas durante el proceso de respiración. Cuando se cuenta con un nivel deficiente las raíces comienzan a experimentar podredumbre, causando la muerte de varias plantas

Conductividad eléctrica	Se recomiendan niveles entre 1.5 a 3.0 dS/m con la intención de que el un cultivo tenga un desarrollo adecuado. Con un valor superior se verá afectada la absorción de nutrientes a causa de un aumento en la presión osmótica mientras que un bajo nivel afecta la salud y rendimiento de las plantas.
Requerimientos nutricionales	Se debe considerar la interacción del agua producto del componente acuícola con la solución nutritiva y hacer ajustes para prevenir un estrés salino o deficiente absorción de nutrientes.

Nota: Datos tomados de Girón-Ovalle, 2018.

Se requieren macronutrientes y micronutrientes para que las enzimas encargadas de la fotosíntesis, el crecimiento y reproducción puedan cumplir con su función. Tradicionalmente estos compuestos son obtenidos del suelo, pero en un cultivo acuapónico, los nutrientes son obtenidos de los desechos de los peces. En dado caso que no se cumplan con todos los requerimientos, es necesaria la suplementación con una solución nutritiva que contiene sales inorgánicamente principalmente (Girón-Ovalle, 2018). Los nutrientes elementales para la fresa son los siguientes:

- Nitrógeno: Su importancia radica en darle vigor –capacidad de crecimiento, en relación de su tallo y superficie foliar. Se mide desde la capacidad de emerger de la semilla– a la planta, incrementar la producción de estolones, así como la acumulación de reservas para la siguiente temporada, generar mayor número y actividad de raíces. Si se encuentra en déficit se presenta un retardo en el crecimiento y color amarillo o pálido en las hojas, por el contrario, si se encuentra en exceso se va a manifestar en un retardo de la inducción floral, exceso de crecimiento vegetativo, menor rendimiento, retraso en la maduración, puede ocasionar malformación en los frutos y susceptibilidad de ataque de plagas y enfermedades (Angulo-Carmona, 2009, INIA & INDAP, 2017, Pérez-Gómez & Sánchez-Jiménez, 2016).
- Fósforo: Su importancia radica en mejorar el crecimiento de raíces, la floración, la defensa contra ataque de enfermedades y plagas e incrementar la acumulación de reservas para la siguiente temporada. Si se encuentra en déficit disminuye la consistencia de los frutos y su producción, se manifiesta en las hojas mediante una coloración rojiza, reduce el tamaño de los estolones y lo más grave es que los frutos se presentan pequeños y se retarda su maduración alterando sus propiedades organolépticas, por el contrario, si se encuentra en exceso se inducen deficiencias de Zinc (AnguloCarmona, 2009; INIA & INDAP, 2017).
- Potasio: Es quizá el elemento más importante, mejora el vigor de la planta, calibre, sabor y firmeza de frutos, incrementa el rendimiento y aumenta la eficiencia en el uso del agua y resistencia a condiciones de estrés por falta de agua, además, aumenta la resistencia al exceso de frío invernal y a las enfermedades y plagas, en exceso Se pueden inducir deficiencias de magnesio y calcio (AnguloCarmona, 2009; INIA & INDAP, 2017).
- Calcio: Su importancia radica en que hace parte de la pared celular, regula la actividad enzimática actuando como neutralizante de los ácidos orgánicos controlando los problemas de toxicidad, mejora el desarrollo de las raíces, indispensable para el tamaño firmeza del fruto y aumentar la resistencia a enfermedades y plagas. La relación de este elemento con el magnesio debe ser de 3:1, su deficiencia puede causar la malformación de los frutos y su exceso se manifiesta en clorosis en las hojas y puede bloquear la absorción del hierro e inducir deficiencias de magnesio y potasio (Angulo-Carmona, 2009, INIA & INDAP, 2017, Pérez-Gómez & Sánchez-Jiménez, 2016).

- Magnesio: Aumenta la intensidad en el color verde de las hojas, incrementa el rendimiento al propiciar mayor actividad fotosintética de las hojas, incrementar la acumulación de reservas para la siguiente temporada. En exceso puede ocasionar inducción de deficiencias de calcio y potasio e indirectamente puede inducir mayor incidencia de enfermedades y plagas (INIA & INDAP, 2017).
- Azufre: Mejora el desarrollo de la planta y en conjunto con potasio mejora la firmeza del fruto. Su exceso aumenta la conductividad, afectando la extracción de agua por las raíces. Usado como sulfato baja la concentración de calcio del sustrato (INIA & INDAP, 2017).
- Boro: Incrementa el tamaño del fruto y contribuye a una mejor brotación para la siguiente temporada. Si se encuentra en déficit se reduce la producción de polen viable, la germinación del grano de polen y la expansión del receptáculo, y puede provocar la formación de pequeños frutos y la reducción del crecimiento de la raíz principal. Por el contrario, en exceso genera problemas de salinidad en las plantas dañando hojas afectando la producción (INIA & INDAP, 2017; PérezGómez & SánchezJiménez, 2016).
- Zinc: Mejora el vigor de plantas y el enraizamiento de plantas. Si se encuentra en déficit produce plantas de hojas y frutos pequeños, y por consiguiente reduce el rendimiento. Su exceso incrementa el vigor en las planas y puede inducir deficiencias de fósforo, cobre y hierro (INIA & INDAP, 2017; Pérez-Gómez & Sánchez-Jiménez, 2016).

D. Técnicas empleadas para la caracterización de microorganismos

1. Caracterización de los microorganismos según metodología empleada.

a) Caracterizaciones por métodos fenotípicas

Los procedimientos convencionales de identificación de microorganismos se basan fundamentalmente en la comparación de las características fenotípicas de bacterias desconocidas con las de un determinado tipo de cultivo. Los métodos consisten en la observación de características físicas, tintoriales y de reacciones bioquímicas que, al ser comparados con perfiles conocidos, permite la identificación. La confiabilidad de la identificación es directamente proporcional al número de características similares que comparte con el cultivo de referencia (Castro-Escarpulli et al. 2015; Hervé, 2015)

Los métodos fenotípicos permiten, usualmente, identificar aislados microbianos hasta nivel de género y, en algunos casos, hasta nivel de especie. Esto sujeto a las observaciones macro y microscópicas y pruebas bioquímicas a las que se somete el aislado (Carrasco-F et al. 2020). Para el proceso de identificación se llevan a cabo las pruebas que se mencionan a continuación:

- a) Pruebas primarias. Se trata de pruebas rápidas y fáciles de realizar, como tinción de Gram o ZiehlNeelsen, determinación microscópica del morfotipo bacteriano revelado por las tinciones (morfología de colonias, forma de las células, presencia y disposición de flagelos, presencia de endosporas) (Carrasco-F et al. 2020; Hervé, 2015).
- b) El segundo nivel de identificación debe especificar el género del microorganismo, ya que las características morfológicas en la mayoría de los casos no permiten identificar a nivel de especie y en la mayoría de los casos tampoco el género. Debido a esto, se emplean diversas pruebas de caracterización bioquímica que permiten complementar la caracterización morfológica y llegar a identificar la especie o el género en la mayoría de los casos (características de crecimiento a diferentes atmósferas de incubación, a temperaturas variables y en diversos medios de cultivo, distintas

concentraciones de NaCl y pH, prueba de enzimas oxidasa y catalasa, oxidación/fermentación, fermentación de glucosa, entre algunas otras (Carrasco-F *et al.* 2020; Hervé, 2015).

- c) El tercer nivel de identificación define la especie. Las pruebas bioquímicas permiten identificar con precisión la mayoría de las bacterias importantes, dependiendo de las reacciones de cada microorganismo frente a diferentes sustratos, se obtiene un perfil bioquímico que, al ser comparados con perfiles conocidos, permite la identificación (Castro-Escarpulli *et al.* 2015; Hervé, 2015).

b) Caracterizaciones por métodos genotípicos

Debido a que los sistemas de identificación fenotípica presentan problemas inherentes tales como:—a) aproximadamente el 98% de los microorganismos presentes en la naturaleza no pueden ser cultivados por técnicas habituales, b) no todas las cepas de una misma especie muestran características homogéneas, y c) una misma cepa puede generar diferentes patrones en ensayos repetidos (Suárez-Moya, 2017; Fernández-Olmos *et al.* 2010)—, los métodos moleculares se han erigido como procedimientos complementarios, alternativos o incluso de referencia a los fenotípicos (Fernández-Olmos *et al.* 2010).

El rápido progreso de la biología molecular ha permitido el desarrollo de técnicas de secuenciación de ácidos nucleicos para la identificación de microorganismos con alta resolución y que sería complejo de determinar mediante técnicas fenotípicas (Carrasco-F *et al.* 2020), dichas técnicas basadas en metodologías moleculares mejoran la sensibilidad y la especificidad y, en algunos casos, han permitido la detección simultánea de varios agentes microbianos de la misma muestra (Castro-Escarpulli *et al.* 2015).

Para llevar a cabo la correcta identificación molecular de un microorganismo, existen genes microbianos específicos, los cuales son comunes para un género en particular y funcionalmente constantes (Carrasco-F *et al.* 2020). En la década de los 80, comenzó la búsqueda de candidatos que, siendo genes estables, permitieran establecer relaciones filogenéticas entre las bacterias. De forma simultánea a los avances tecnológicos en las técnicas de secuenciación se han ido utilizando genes cuya secuencia permite una mayor precisión (CortésLópez, Ordóñez-Baquera, & Domínguez-Viveros, 2020; Fernández-Olmos *et al.* 2010).

Se han utilizado una amplia variedad de genes como dianas moleculares en los estudios taxonómicos o de filogenia en los distintos géneros y distintas especies bacterianas, constituyendo el análisis del RNAr 16S el marcador inicial (Bou *et al.* 2011; Fernández-Olmos *et al.* 2010). En algunos casos la alta homología genética en determinados géneros bacterianos o un reciente cambio en su asignación taxonómica no permite utilizar el RNAr 16S como para la identificación a nivel de especie (o incluso de género). En estos casos, puede recurrirse a otros genes dianas (Fernández-Olmos *et al.* 2010). En la tabla 2 se detallan algunos de los genes empleados.

La Reacción en cadena de la polimerasa (PCR por sus siglas en inglés), permite la amplificación un gen o un fragmento de ADN, también llamado amplicón, cuya secuencia nucleotídica sirve como “huella digital” para asociar un microorganismo desconocido de un género o especie microbiana conocida. Para la obtención de información sobre la diversidad microbiana se han empleado algunas técnicas derivadas de la PCR como las que se citan a continuación (Carrasco-F *et al.* 2020; Munguia-Fragozo *et al.* 2015):

- 16S rRNA. Es un polirribonucleótido codificado por el gen *rrs* o ADN ribosómico RNAr 16S (ADN 16S) incluido en la subunidad 30S del ribosoma bacteriano. Análogo del RNAr 18S en eucariotas. Con base en las diferencias encontradas en secuencias del RNA ribosomal 16s o 18s, se estableció que sería un marcador evolutivo particularmente útil para los niveles taxonómicos que van de reino a familia, y en ocasiones, hasta género. Su utilidad como marcador se debe a tres razones: 1) es ubicuo, se encuentra tanto en procariotas y arqueobacterias y existe su homólogo eucariota; 2) su tamaño y alto grado de conservación funcional permiten definir las tasas de mutación durante la evolución

microbiana; y 3) posee regiones conservadas, que son muy útiles para el diseño de cebadores y que flaquean nueve regiones variables (V1-V9) (Ortiz-Estrada, Martínez-Porchas, & Vargas-Albores, 2017). Su secuencia es de aproximadamente 1.500 pb, y se compone de regiones hipervariables ancladas a secuencias conservadas que permiten una clasificación microbiana confiable y precisa. La técnica se basa en la amplificación de dichas regiones hipervariables, son nueve regiones hipervariables llamadas V1-V9 que abarcan entre 50 y 100 pb dependiendo de la región. Se han diseñado cebadores para amplificar dichas regiones a partir de un gran número de diferentes especies bacterianas; se ha recomendado el uso de cebadores que apunten a las regiones V1-V3 y V7-V9 para obtener la caracterización representativa en la comunidad microbiana compleja (Munguía-Fragozo *et al.* 2015) (tabla 3). Se desconoce su tasa de cambio en la secuencia, si bien su análisis indica una distancia evolutiva o de relación entre los microorganismos (Fernández-Olmos *et al.* 2010); sin embargo, su utilidad ha sido cuestionada ya que cada región variable tiene su propia tasa de mutación y, por lo tanto, tiene diferente grado de utilidad en la identificación de ciertos grupos microbianos (Ortiz-Estrada, Martínez-Porchas, & Vargas-Albores, 2017).

Posee una ventaja sobre otros genes marcadores es la debido a la disponibilidad de varias bases de datos de secuencias de referencia y taxonomía (Ortiz-Estrada, Martínez-Porchas, & Vargas-Albores, 2017).

En la taxonomía bacteriana, el análisis de la secuencia génica del RNAr 16S es la herramienta más ampliamente utilizada y la más común para el estudio de comunidades microbianas en RAS (Fernández-Olmos *et al.* 2010; Munguía-Fragozo *et al.* 2015).

- 5s rRNA: es un gen de aproximadamente 120 nucleótidos de longitud, se encuentra prácticamente en todos los ribosomas con excepción de los mitocondriales, de algunos hongos, de animales superiores y de la mayoría de protistas. Aunque la secuencia está altamente conservada, su fiabilidad como marcador está cuestionada debido a que su longitud es muy pequeña (Cortés-López, Ordóñez-Baquera, & Domínguez-Viveros, 2020).
- 16s rRNA - 23s rRNA: las regiones del espacio intergénico (ITS) del RNAr 16S-23S se han utilizado para la diferenciación de dos cepas pertenecientes a una misma subespecie (Cortés-López, Ordóñez-Baquera, & Domínguez-Viveros, 2020), estas ITS se presentan en un número variable en función del número de operones rRNA o alelos *rnn*, y presentan un tamaño variable entre diferentes especies. Este elevado grado de diversidad en las ITS en diferentes géneros, especies y cepas constituye la base para su utilización en identificación, filogenia y/o tipificación (Bou *et al.* 2011; Fernández-Olmos *et al.* 2010).
- 23s rRNA: gen de aproximadamente 3,000 nucleótidos de longitud, presenta inserciones y deleciones más grandes que el gen 16S rRNA, las inserciones estables y deleciones de algunas bases en el gen 23S rDNA son características comunes en algunas clases y subclases de bacterias y es una alternativa en los casos que la fracción 16s no proporciona resultados concluyentes. Su uso se puede ver limitado debido al incremento de costo y a las dificultades en la amplificación de fragmentos más grandes (Bou *et al.* 2011; Cortés-López, Ordóñez-Baquera, & Domínguez-Viveros, 2020)
- ADN girasa: La ADN girasa cataliza la inter-conversión de los isómeros topológicos del ADN. Está formada por dos monómeros de cada subunidad GyrA y GyrB, codificados por los genes *gyrA* y *gyrB*, respectivamente.

El gen *gyrB* es el codificante de la subunidad β de la ADN girasa o topoisomerasa II y está implicado en la replicación del ADN bacteriano. De distribución universal, la presencia en monocopia de *gyrB*

permite la discriminación e identificación de especies fuertemente relacionadas pertenecientes a los géneros *Aeromonas*, *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Vibrio*, y también enterobacterias, micobacterias y bacterias ácido-lácticas (Bou *et al.* 2011; Fernández-Olmos *et al.* 2010).

- Citocromo oxidasa I/II (COI/II): es una proteína de la cadena transportadora de electrones que se encuentra tanto en bacterias como en las mitocondrias de organismos eucariotas, el gen COI evoluciona más lentamente en comparación con otros genes mitocondriales y es ampliamente utilizado en estudios filogenéticos (Cortés-López, Ordóñez-Baquera, & Domínguez-Viveros, 2020).
- RNA polimerasa: La RNA polimerasa (RNAP) es una enzima imprescindible en la transcripción y constituye la diana final de diferentes rutas que controlan la expresión génica en los organismos vivos. La parte central de la RNAP está compuesta de 5 subunidades: el dímero α_2 , β , β' y ω . La subunidad β *rpoB*: codificada por el gen *rpoB*, es el principal responsable de la actividad catalítica de la RNAP. Debido a su distribución universal en las bacterias se sugirió su aplicación como un cronómetro molecular de alta potencia. El gen *rpoB* tiene un tamaño variable según la especie y contiene regiones conservadas y regiones alternas variables, se necesita el diseño de cebadores de amplio espectro debido a que no pueden emplearse cebadores universales, éstos se diseñan sobre las regiones conservadas y suele incluirse una región interna variable. Ofrece algunas ventajas respecto a otros marcadores: 1) las secuencias del *rpoB* presentan en numerosas ocasiones mayor calidad que las del ARNr 16S, al ser secuencias de reciente obtención; 2) existe mayor correlación en la similitud de la secuencia del *rpoB* con el criterio de inclusión en la misma especie de la hibridación ADN-ADN; y 3) puede ser aplicada como instrumento de genotipificación y de filogenia ya que las sustituciones nucleotídicas que se producen son silentes (tercera posición del codón), y que por su función housekeeping probablemente no esté sometido a transferencia horizontal genética (Bou *et al.* 2011; Fernández-Olmos *et al.* 2010)

En estudios dónde se cuenta con gran diversidad de microorganismos se realiza una comparación de filogenias basadas técnicas de análisis de comunidades moleculares basadas en el gen 16s rRNA respaldado por estudios de análisis de secuencias multilocus (MLSA), los cuales implican la secuenciación de genes que codifican proteínas con funciones conservadas (*housekeeping* genes) para evaluar la diversidad en colecciones de cepas aisladas (Cortés-López, Ordóñez-Baquera, & Domínguez-Viveros, 2020; Munguia-Fragozo *et al.* 2015).

Los genes que se han utilizado en MLSA son aquellos que codifican subunidades de enzimas ubicuas, como la subunidad β de la ADN girasa (*gyrB*), la subunidad β de la ARN polimerasa (*rpoB*), el factor sigma 70 (sigma D) de la ARN polimerasa (*rpoD*), el gen de la subunidad activa de monooxigenasa (*amoA*), la subunidad β de la metano-monooxigenasa en partículas (*pmoA*), la subunidad mayor de la metanol deshidrogenasa (*mxoF*), la recombinasa A (*recA*), la subunidad β de ATP sintasa F0F1 (*atpD*), el factor de iniciación de traducción IF-2 (*infB*), la modificación del tRNA GTPasa ThdF o TrmE (*thdF*) y la chaperonina GroEL (*groEL*), entre otros (Cortés-López, Ordóñez-Baquera, & Domínguez-Viveros, 2020; Munguia-Fragozo *et al.* 2015).

Tabla 2.

Marcadores empleados para identificación en técnicas genotípicas

	Aplicación	Referencia
Nombre del marcador		
Ácido ribonucleico ribosómico RNAr (5S-16S-23S)	Universal para bacteria	Carrasco-F <i>et al.</i> 2020; FernándezOlmos <i>et al.</i> 2010

ADN girasa (<i>gyrA gyrB</i>)	Universal para bacteria	Carrasco-F <i>et al.</i> 2020; FernándezOlmos <i>et al.</i> 2010
RNA polimerasa (<i>rpoA- rpoB- rpoC- rpoD</i>)	Universal para bacteria	Carrasco-F <i>et al.</i> 2020; FernándezOlmos <i>et al.</i> 2010
Diaminobutirato2-oxaglutarato transaminasa (<i>ectBC</i>)	<i>Halomonas variabilis, Halomonadaceae</i>	Carrasco-F <i>et al.</i> 2020
Proteína iniciadora de la replicación cromosómica (<i>dnaA</i>)	<i>Rhizobium Meliloti</i>	Carrasco-F <i>et al.</i> 2020
Fenilalanina-RNA sintasa (<i>pheS</i>)	<i>Enterococcus sp., Lactobacilli sp.</i>	Carrasco-F <i>et al.</i> 2020
Gen <i>hps65</i>	Micobacterias	Fernández-Olmos <i>et al.</i> 2010
Gen de subunidad activa de Comparación entre filogenias basadas en Munguia-Fragozo <i>et al.</i> 2015	monooxigenasa (<i>amoA</i>) genes de rRNA 16S	
Gen de nitrito reductasa (<i>nirK</i>)	Comparación entre filogenias basadas en Munguia-Fragozo <i>et al.</i> 2015	genes de rRNA 16S
Óxido nítrico reductasa (<i>norB</i>)	Comparación entre filogenias basadas en Munguia-Fragozo <i>et al.</i> 2015	genes de rRNA 16S

Tabla 3.

Cebadores utilizados para la caracterización con 16s rRNA

región	Secuencia		Referencia
	Forward primer(s) 5' - 3'	Reverse primer(s) 5' - 3'	
Las regiones hipervariables V1-V3 del gen del ARN ribosomal 16S	5'-TCGTCGGCAGCGTCAGATGT GTATAAGAGACAGAGAGTTTGAT CCTGGCTCAG-3'	5'- GTCTCGTGGGCTCGGAGATG TGTATAAGAGACAGATTAC CGCGGCTGCTGG-3'	Munguia-Fragozo <i>et al.</i> 2015; Eck <i>et al.</i> 2019; Schmutz <i>et al.</i> 2016
Bacterial 16S rRNA gene V6 region	5'-CTAACCGANGAACCTYACC-3', 5'-CNACGCGAAGAACCTTANC-3', 5'-CAACGCGMARAACCTTACC-3', 5'-ATACGCGARGAACCTTACC-3' 5'-CCAGCAGCYGCGGTAAN-3'	5'-CGACRRCCATGCANCACT-3'	Bartelme <i>et al.</i> 2019 Bartelme <i>et al.</i> 2019
Bacterial 16S rRNA gene V4-V5 region		5'-CCGTCAATTCNTTTRAGT-3', 5'-CCGTCAATTCCTTTGAGT-3', 5'-CCGTCTATTCCTTTGANT-3'	
Archaeal 16S rRNA gene V4-V5 region	5'-GCCTAAAGCATCCGTAGC-3', 5'-GCCTAAARCGTYCGTAGC-3', 5'-GTCTAAAGGGTTCYGTAGC-3', 5'-GCTTAAAGNGTYCGTAGC-3', 5'-GTCTAAARCGYYCGTAGC-3'	5'-CCGGCGTTGANTCCAATT-3'	Bartelme <i>et al.</i> 2019

Betaproteobacterial <i>amoA</i>	5'-GGGGHTTYTACTGGTGGT-3'	5'-CCCCTCKGSAAAGCCTTCTTC-3'	Bartelme <i>et al.</i> 2019
Comammox <i>amoA</i>	5'-GGAYTTYTGGNTNGATTGGA-3'	5'-WRKTNGACCACCASKACCA-3'	Bartelme <i>et al.</i> 2019
<i>Nitrospira nxrB</i>	5'-TACATGTGGTGGAAACA-3'	5'-CGGTTCTGGTCRATCA-3'	Bartelme <i>et al.</i> 2019

Metagenómica

Desde sus inicios, la secuenciación del ADN con la tecnología Sanger generó un gran impacto en ramas de las ciencias biológicas, aunado a la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), se hizo posible la construcción de genotecas. Por décadas se amplificaron, clonaron y secuenciaron regiones del ARNr16s y dichas secuencias se depositaron en bases de datos públicas, permitiendo utilizarlas como referencias para la identificación y clasificación taxonómica (Cortés-López, Ordóñez-Baquera, & Domínguez-Viveros, 2020; Ortiz-Estrada, Martínez-Porchas, & Vargas-Albores, 2017)

Con el surgimiento de las tecnologías de secuenciación masiva “Next Generation Sequencing technologies (NGS)”, se lograron secuenciar millones de moléculas de ADN de manera simultánea, se pudieron obtener secuencias más largas y confiables, lo que impulsó el desarrollo de la metagenómica, una nueva aplicación de la biología molecular enfocada en el estudio del conjunto de genomas de un ambiente determinado partiendo del ADN obtenido de muestras, sin necesidad de cultivarlas ni aislar sus componentes microbianos, permite la recuperación y el estudio de la información de la suma de los genomas que componen una muestra ambiental (Bou *et al.* 2011; Cortés-López, Ordóñez-Baquera, & Domínguez-Viveros, 2020; Ortiz-Estrada, MartínezPorchas, & Vargas-Albores, 2017; Suárez-Moya, 2017).

Para el análisis metagenómico utilizando las NGS con el marcador 16S rRNA, se realiza un paso previo de amplificación por PCR, lo que limita los microorganismos identificados a únicamente a bacterias y arqueas; este paso de amplificación por PCR conlleva un enriquecimiento del ADN lo que produce un sesgo hacia las especies que se encuentran en mayor proporción provocando que las especies que se encuentran en menor porcentaje difícilmente puedan ser detectadas. Para aumentar la resolución a nivel taxonómico se pueden emplear las técnicas de secuenciación masiva llamadas “*Whole Genome Shotgun sequencing*” (WGS) y “*Shotgun metagenomics sequencing*” (SMS), en las cuales el ADN metagenómico total es secuenciado. Dichas técnicas presentan las siguientes ventajas: 1) los microorganismos se pueden clasificar hasta nivel de especie, además de que se pueden identificar no solo procariontes sino también eucariotes y no requiere el paso previo de amplificación por PCR por lo que se elimina el sesgo; y 2) al tener secuencias de todo el ADN presente en la muestra se pueden seleccionar las correspondientes al gen 16S rRNA y se pueden hacer estudios de análisis de secuencias multilocus (MLSA). Mientras que, sus principales desventajas son el mayor costo y requieren análisis bioinformáticos de datos más complejos (Cortés-López, Ordóñez-Baquera, & Domínguez-Viveros, 2020).

Los estudios metagenómicos se pueden clasificar en dos categorías: 1) De metagenómica dirigida, los cuales se centran en uno o varios genes marcadores para revelar la composición y diversidad de la microbiota. Incluyen la secuenciación de amplicones dirigidos filogenéticamente como el gen 16s rRNA para bacterias y Archaea o el gen 18s rRNA para especies eucarióticas, hace posible estudiar la diversidad bacteriana a gran escala, sin embargo, puede producir estimaciones de diversidad microbiana limitadas ya que generalmente proporciona datos únicamente sobre la comunidad bacteriana y de esta, las bacterias que son altamente

divergentes son difíciles de caracterizar mediante este enfoque; y 2) De metagenómica completa, es un método alternativo para estudiar ecosistemas complejos, en el cual se reducen las limitaciones del enfoque de la Metagenómica dirigida, el ADN extraído se corta en pequeños fragmentos que se secuencian de forma independiente y aleatoria, dando como resultado una vista completa de todos los microorganismos y genes presentes (Mantilla-Martínez & Torres-Sáez, 2019)

Después de obtener las secuencias de ADN, éstas deben ser analizadas e interpretadas. La gran cantidad de datos producidos en los proyectos metagenómicos requiere de herramientas bioinformáticas para su análisis. Cuanto mayor sea la cantidad de datos generados se requerirá de mayores recursos bioinformáticos, tanto de algoritmos de análisis, como de bases de datos con información sobre genomas microbianos. En la tabla 4 se enlistan algunas herramientas bioinformáticas empleadas. El orden habitual de análisis bioinformático incluye el control de calidad, la eliminación de secuencias quiméricas y de baja calidad, eliminación de errores generados en la secuenciación y posterior agrupamiento de las secuencias por características de similitud y solapamiento (*clustering*). Posteriormente, se procede a la asignación taxonómica y el análisis estadístico para determinar las diferencias significativas comparadas con la secuencia de referencia ausencia (Cortés-López, Ordóñez-Baquera, & Domínguez-Viveros, 2020; Mantilla-Martínez & Torres-Sáez, 2019; Suárez-Moya, 2017)

Las unidades taxonómicas operativas (OTU) representan la información taxonómica y proporcionan información sobre la diversidad de la población. El análisis estadístico contiene el estudio de la biodiversidad direccionada a dos indicadores relevantes: diversidad alfa y beta; se define como diversidad alfa, a la riqueza de especies de una comunidad a la que consideramos como homogénea y puede ser medida según el número de especies presentes o según la distancia filogenética que hay entre ellas, mientras que la diversidad beta mide las diferencias en la composición bacteriana de una o más muestras y permite comparar múltiples comunidades con el fin de identificar OTU o taxones compartidos entre las mismas y relacionarnos con la metadata, se puede medir de forma cuantitativa o cualitativa. . En la primera se considera la abundancia de los microorganismos observados, mientras que en la segunda solo se tiene en cuenta la presencia o ausencia (Mantilla-Martínez & Torres-Sáez, 2019; Suárez-Moya, 2017)

El índice de la diversidad permite observar la utilidad de la región del ARN16s amplificada, entre más chica sea la diversidad se incrementan el número de unidades taxonómicas operacionales (OTU) que no pueden ser identificadas. Cada región del gen ARNr16s proporciona diferentes valores de diversidad microbiana. Se sabe que las secuencias cercanas al tamaño del gen ARNr16s permiten una identificación más precisa, por lo que una opción es la amplificación de tantas regiones como sea posible. Sin embargo, a pesar de la información detallada que se puede obtener mediante el procesamiento con las herramientas bioinformáticas, se recomienda ser prudente al emitir conclusiones sólidas dado que existen un gran número de unidades taxonómicas operativas (OTU) que no se pueden asignar a un género o familia específica (Mantilla-Martínez & Torres-Sáez, 2019; Ortiz-Estrada, Martínez-Porchas, & Vargas-Albores, 2017).

Tabla 4

Programas bioinformáticos para el análisis de secuencias metagenómicas

Aplicación bioinformática	Método de Análisis
MG-RAST	Asignación de anotaciones estructurales y funcionales de acuerdo con bases de datos de nucleótidos y proteínas por homología.

MOTHUR	Analiza secuencias del gen 16S rRNA, cuantifica parámetros ecológicos para medir diversidad α y β , visualiza el análisis mediante diagramas de Venn, heat maps y dendogramas, selecciona colecciones de secuencias basadas en su calidad y calcula la distancia de secuencia por pares.
QUIIME	Analiza secuencias microbianas del gen 16S rRNA, realiza perfiles taxonómicos y filogenéticos, y comparaciones entre las muestras
PhaMe	Realiza comparaciones basados en SNPs de genomas completos, secuencias ensambladas y secuencias son procesar para el análisis filogenético y de evolución molecular.
VITCOMIC1	Hace un análisis del gen 16S rRNA y secuencias de alto rendimiento para visualizar la composición filogenética de muestras metagenómicas.
16SPIP	Detección rápida de microorganismos patógenos en muestras clínicas basadas en secuencias metagenómicas del gen 16S rRNA.
PICRUSt	Algoritmo que tiene un enfoque de metagenómica predictiva a partir de datos del gen 16S rRNA y de una base de datos de genomas de referencia
Kraken	Asignación de etiquetas taxonómicas en secuencias de DNA metagenómico utilizando la alineación de kmers logrando una clasificación más precisa en comparación con BLAST.
Kaiju	Clasificador de metagenomas que encuentra coincidencias máximas a nivel de proteína utilizando la transformación de Burrows-Wheeler, clasifica lecturas con mayor sensibilidad y precisión similar en comparación con los clasificadores basados en kmers, especialmente en los géneros que están subrepresentados en las bases de datos de referencia

Tomado de Cortés-López, Ordóñez-Baquera & Domínguez-Viveros, 2020

Existen ensayos semicuantitativos como FISH, MAR-FISH y CARD-FISH in situ que identifican células procariotas sin cultivo mediante la hibridación fluorescente in situ (FISH) con sondas de oligonucleótidos dirigidos a RNA ribosómico (rRNA). Estos oligonucleótidos tienen una extensión de 15 a 25 nucleótidos de longitud y están etiquetados covalentemente en el extremo de 50' con un tinte fluorescente. Después de un lavado riguroso, las células teñidas específicamente se detectan a través de la microscopia de epifluorescencia o citometría de flujo (Munguia-Fragozo *et al.* 2015).

2. Microorganismos descritos

A partir del 2000 se han caracterizado algunas especies en diversos sistemas y componentes del RAS. En las determinaciones previas se constató que las muestras provenientes del biofiltro albergaban la comunidad bacteriana más diversa, de igual forma las muestras de la rizosfera y del perifitón –comunidad de organismos acuáticos, bacterias, hongos, algas y protozoos, que se adhieren en una matriz polisacárida bajo el agua, en este caso las paredes del estanque del componente acuícola– contenían en gran medida los mismos géneros presentes en el biofiltro pero con una menor abundancia mientras que las muestras del estanque fueron las menos diversas (Eck *et al.* 2019; Munguia-Fragozo *et al.* 2015; Schmutz *et al.* 2016).

Dependiendo de la metodología seguida se logró la identificación de las OTU presentes en el microbioma central del sistema y la identificación del género o especie presente en muestras tomadas de cada componente de este.

Estudios revelaron que los principales grupos bacterianos encontrados fueron Actinobacteria, Proteobacteria, Bacteroidetes, Nitrospirae, Fusobacteria, Firmicutes (Eck et al. 2019; Munguia-Fragozo et al. 2015; Schmautz et al. 2016).

Eck y colaboradores en 2019 identificaron en el microbioma central la presencia de la familia *Oxalobacteraceae* y de la familia *Cetobacterium*. Miembros de la familia *Oxalobacteraceae* han sido descritos tanto en agua como en el suelo, además de estar asociados a plantas, mientras que, la presencia de *Cetobacterium* podría explicarse por su presencia común en las vísceras de pescado teniendo flujo a los demás componentes del sistema (Eck et al. 2019). De igual forma se ha citado la presencia de la familia *Comamonadaceae* tanto en sistemas acuícolas como acuapónicos (Eck et al. 2019; Munguia-Fragozo et al. 2015).

a) Microorganismos presentes en el tanque de peces

De las muestras tomadas del tanque de peces, sólo el 65% de las lecturas fue asignado a un filo, siendo cuatro los dominantes *Fusobacteria*, *Bacteroidetes*, *Firmicutes* y *Proteobacteria* (Eck et al. 2019; Schmautz et al. 2016). Del filo Fusobacteria se encontraron principalmente miembros del género *Cetobacterium* que constituían alrededor del 75% de la comunidad bacteriana total; también fueron encontrados los géneros *Bacterioides*, *Clostridium* y *Aquaspirillum* y una población relativamente alta de Enterobacterias, principalmente *Plesiomonas* (Schmautz et al. 2016) En la tabla 5, se enlistan los microorganismos identificados en dicho componente.

Tabla 5
Microorganismos identificados en estanques de peces

Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Referencia
Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Microbacteriaceae	<i>Clavibacter</i>	Eck et al. 2019
Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacterioides</i>	Schmautz et al. 2016
Firmicutes					Schmautz et al. 2016
Firmicutes	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	Schmautz et al. 2016
Fusobacteria					Schmautz et al. 2016
Fusobacteria	Fusobacteriia	Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Cetobacterium</i>	Eck et al. 2019; Schmautz et al. 2016
Proteobacteria					Schmautz et al. 2016
	β-Proteobacteria	Neisseriales	Neisseriaceae	<i>Aquaspirillum</i>	Schmautz et al. 2016
	γ-Proteobacteria	Enterobacteriales			Schmautz et al. 2016
	γ-Proteobacteria	Enterobacteriales	Enterobacteriaceae	<i>Plesiomonas</i>	Schmautz et al. 2016
	γ-Proteobacteria	Xanthomonadales			Schmautz et al. 2016
	γ-Proteobacteria	Pseudomonadales			Schmautz et al. 2016
	γ-Proteobacteria	Aeromonadales	Aeromonadaceae	<i>Aeromonas</i>	Schmautz et al. 2016

b) Microorganismos presentes en el biofiltro

Las muestras tomadas del biofiltro estuvieron dominadas principalmente por los filos Proteobacteria, Bacteroidetes, Actinobacteria, Nitrospira, Acidobacteria, Planctomicetos entre algunos otros, en la tabla 6 se muestran microorganismos que fueron caracterizados a partir de muestras obtenidas de este (Eck et al. 2019; Schmautz et al. 2016).

Tabla 6
Microorganismos identificados a partir del biofiltro.

Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Especie	R
Actinobacterias						C)
	Actinobacteria	Micrococcales	Microbacteriaceae	<i>Microbacterium</i>	<i>Microbacterium imperiale</i>	A)
	Actinobacteria	Corynebacteriales	Mycobacteriaceae	<i>Mycolicibacterium</i>	<i>Mycolicibacterium chitae</i>	A)
	Actinobacteria	Corynebacteriales	Corynebacteriaceae	<i>Corynebacterium</i>	<i>Corynebacterium tuberculostearicum</i>	A)
	Actinobacteria	Propionibacteriales	Propionibacteriaceae	<i>Cutibacterium</i>	<i>Cutibacterium acnes</i>	A)
Acidobacteria						A)
Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	<i>Bacteroides plebeius</i>	A)
	Cytophagia	Cytophagales	Flexibacteraceae	<i>Flexibacter</i>		A)
	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	<i>Runella</i>	<i>Runella slithyformis</i>	A)
	Cytophagia	Cytophagales	Cytophagaceae	<i>Flectobacillus</i>		A)
	Flavobacteriia	Flavobacteriales				A) C)
	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Flavobacterium</i>	<i>Flavobacterium columnare</i>	A)
	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Weeksellaceae	<i>Chryseobacterium</i>		A)
	Flavobacteriia	Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Myroides</i>		A)
	Sphingobacteriia	Sphingobacteriales	Sphingobacteriaceae	<i>Sphingobacterium</i>		A)
Firmicutes	Bacilli	Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>		A)
	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactiplantibacillus</i>	<i>Lactobacillus paraplantarum</i>	A)
	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Lactococcus</i>	<i>Lactococcus lactis</i>	A)
	Bacilli	Bacillales	Staphylococcaceae	<i>Macrococcus</i>	<i>Macrococcus brunensis</i>	A)
	Bacilli	Bacillales	Staphylococcaceae	<i>Macrococcus</i>	<i>Macrococcus lamae</i>	A)
	Clostridia	Clostridiales	Clostridiaceae	<i>Sarcina</i>		A)
Gimmatimonadetas	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadales	Gemmatimonadaceae	<i>Gemmatimonas</i>	<i>Gemmatimonas aurantiaca</i>	A)
Nitrospirae	Nitrospira	Nitrospirales	Nitrospiraceae	<i>Nitrospira</i>		B)
	Nitrospira	Nitrospirales	Nitrospiraceae	<i>Nitrospira</i>	<i>Nitrospira moscoviensis</i>	A)

Planctomicetos	Planctomycetia	Pirellulales	Pirellulaceae	<i>Pirellula</i>	<i>Pirellula staleyi</i>	A)
	Planctomycetia	Planctomycetales	Planctomycetaceae	<i>Planctomyces</i>	<i>Planctomyces maris</i>	A)
Proteobacteria	α -Proteobacteria	Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Novosphingobium</i>		B)
	α -Proteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	<i>Agrobacterium</i>	<i>Agrobacterium tumefaciens</i>	A)
	α -Proteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	<i>Filomicrobium</i>	<i>Filomicrobium fusiforme</i>	A)
	α -Proteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	<i>Hyphomicrobium</i>	<i>Hyphomicrobium facile</i>	A)
	α -Proteobacteria	Rhizobiales	Hyphomicrobiaceae	<i>Hyphomicrobium</i>	<i>Hyphomicrobium denitrificans</i>	A)
	α -Proteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	<i>Nitrobacter</i>	<i>Nitrobacter winogradskyi</i>	A)
	α -Proteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiales incertae sedis	<i>Nordella</i>	<i>Nordella oligomobilis</i>	A)
	α -Proteobacteria	Rhizobiales	Brucellaceae	<i>Ochrobactrum</i>	<i>Ochrobactrum anthropi</i>	A)
	α -Proteobacteria	Rhizobiales	Rhizobiaceae	<i>Rhizobium</i>		A)
	α -Proteobacteria	Rhizobiales	Beijerinckiaceae	<i>Rhodoblastus</i>	<i>Rhodoblastus acidophilus</i>	A)
	α -Proteobacteria	Rhizobiales	Bradyrhizobiaceae	<i>Bradyrhizobium</i>	<i>Bradyrhizobium japonicum</i>	A)
	α -Proteobacteria	Maricaulales	Maricaulaceae	<i>Woodsholea</i>	<i>Woodsholea maritima</i>	A)
	α -Proteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Rhodovulum</i>	<i>Rhodovulum euryhalinum</i>	A)
	α -Proteobacteria	Rhodobacterales	Rhodobacteraceae	<i>Rhodobacter</i>		A)
	β -Proteobacteria	Rhodocyclales	Rhodocyclaceae	<i>Azovibrio</i>	<i>Azovibrio</i>	A) restrictus
	β -Proteobacteria	Burkholderiales				C)
	β -Proteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Comamonas</i>		A)
	β -Proteobacteria	Burkholderiales	Oxalobacteraceae	<i>Herbaspirillum</i>		A)
	β -Proteobacteria	Burkholderiales	Burkholderiales genera incertae sedis	<i>Ideonella</i>	<i>Ideonella dechloratans</i>	A)
	β -Proteobacteria	Burkholderiales	Comamonadaceae	<i>Rhodoferax</i>	<i>Rhodoferax fermentans</i>	A)
	β -Proteobacteria	Neisseriales	Chromobacteriaceae	<i>Aquaspirillum</i>		A)
	β -Proteobacteria	Nitrosomonadales	Thiobacillaceae	<i>Thiobacillus</i>	<i>Thiobacillus thioparus</i>	A)
β -Proteobacteria	Nitrosomonadales	Nitrosomonadaceae	<i>Nitrosomonadales</i>	<i>Nitrosomonas aestuarii</i>	A)	
β -Proteobacteria	Nitrosomonadales	Nitrosomonadaceae	<i>Nitrosomonas</i>	<i>Nitrosomonas marina</i>	A)	
β -Proteobacteria	Nitrosomonadales	Nitrosomonadaceae	<i>Nitrosomonas</i>	<i>Nitrosomonas oligotropha</i>	A)	
γ -Proteobacteria	Xanthomonadales	Xanthomonadaceae	<i>Lysobacter</i>		B)	
γ -Proteobacteria	Pseudomonadales	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>		C) A)	
γ -Proteobacteria	Alteromonadales	Alteromonadaceae	<i>Marinobacter</i>		A)	

	γ -Proteobacteria	Vibrionales	Vibrionaceae	<i>Vibrio</i>		A)
	γ -Proteobacteria	Enterobacterales	Hafniaceae	<i>Edwardsiella</i>		A)
	γ -Proteobacteria	Aeromonadales	Aeromonadaceae	<i>Aeromonas</i>		A)
	γ -Proteobacteria	Pseudomonadales	Moraxellaceae	<i>Acinetobacter</i>		A)
	ϵ -Proteobacteria	Campylobacterales	Campylobacteraceae	<i>Arcobacter</i>	<i>Arcobacter nitrofigilis</i>	A)
Verrucomicrobia	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobiales	Verrucomicrobiaceae	<i>Verrucomicrobium</i>	<i>Verrucomicrobium spinosum</i>	A)

Nota Correspondencia de Referencias: A) Munguia-Fragozo *et al.* 2015; B) Eck *et al.* 2019; C) Schmutz *et al.* 2016

Se encontró una alta similitud entre los géneros de microorganismos identificados de la muestra del biofiltro con las de la rizosfera (descritos posteriormente) y el perifitón pero hubo variación en su proliferación. En muestras del biofiltro y del perifitón se encontró una predominancia de *Rhizobiales* en comparación con la muestra de la rizosfera, así como, una mayor presencia de *Actinobacterias* en el biofiltro y *Sphingomonadales* y *Xanthomonadales* en el perifitón (Schmutz *et al.* 2016).

c) Presentes en la rizosfera

Como se menciona previamente, las muestras tomadas de la rizosfera tuvieron similitud con las obtenidas del biofiltro y perifitón. El orden *Methylophilales* se presentó exclusivamente en la rizosfera mientras que, *Burkholderiales*, *Flavobacteriales* o *Pseudomonadales* se presentaron mayoritariamente en relación con las otras muestras, dichos ordenes ya habían sido asociados a la rizosfera de las plantas, por lo que eran de esperarse. En menor abundancia se presentaron los géneros *Dokdonella* y *Thermomonas*. En la Tabla 7 se muestran microorganismos que fueron caracterizados a partir de muestras obtenidas de la rizosfera (Schmutz *et al.* 2016).

Tabla 7

Microorganismos identificados de la rizosfera.

Filo	Clase	Orden	Familia	Género
Acidobacteria				
Actinobacteria				
Bacteroidetes	Flavobacteriia	Flavobacteriales		
Firmicutes				
Fusobacteria				
Candidatus Saccharibacteria				
Deinococcus-Thermus				
Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes			
Planctomycetes	Planctomycetia			
Proteobacteria	α -Proteobacteria	Rhizobiales		
	β -Proteobacteria	Burkholderiales		
	β -Proteobacteria	Methylophilales		
	γ -Proteobacteria	Pseudomonadales		
Nitrospirae	Nitrospira	Nitrospirales	Nitrospiraceae	<i>Nitrospira</i>

V. Objetivos y Metas Alcanzadas

En base al procesamiento y análisis de la información recabada, se cumplieron con los siguientes objetivos y metas:

1. Se generó un banco de datos con la información recabada
2. Se determinaron los métodos de aislamiento e identificación de microorganismos asociados al cultivo acuapónico de peces comestibles y de fresa
3. Se determinaron los microorganismos involucrados en cultivos acuapónicos de peces comestibles y de fresa

Se determinaron los métodos de aislamiento e identificación de microorganismos asociados al cultivo acuapónico de peces comestibles y de fresa.

VI. Conclusiones

Los sistemas acuapónicos son sumamente complejos debido a que contienen diversos componentes interactuando entre sí (estanque de cultivo, biofiltro y cultivo hidropónico). Por lo tanto, es de vital importancia comprender el funcionamiento de cada uno de ellos, para lo cual, los microorganismos desempeñan un papel fundamental.

El biofiltro es el componente del sistema con mayor diversidad microbiológica, constituye el corazón del sistema, si éste falla y los microorganismos no cumplen su función físico-química respecto a la calidad del agua, todo el sistema colapsa, por lo tanto su investigación y entendimiento es de importancia crucial.

El cultivo de fresa (*Fragaria sp*) en el territorio nacional es relevante a nivel internacional. Si se implementara la producción acuapónica o en dado caso hidropónica se podría aumentar esa producción pudiendo posicionar a México como el principal productor mundial, según datos publicados por SAGARPA existen las condiciones para la extensión del cultivo. Sin embargo, no se encontró bibliografía publicada sobre los microorganismos que pudieran existir en la rizosfera de la fresa cultivada en un sistema acuapónico, ni el papel que desempeñan en la productividad del cultivo, lo que lo convierte en un tema de gran potencial.

VII. Recomendaciones

Se requiere llevar a cabo estudios relacionados con el aislamiento e identificación de los microorganismos en la rizosfera de la fresa, que permitan elucidar el efecto que dicha comunidad ejerce en el crecimiento de las plantas y de los peces en cultivos acuapónicos.

VIII. Bibliografía

Adler, P. R., Harper, J. K., Wade, E. M., Takeda, F., & Summerfelt, S. T. (2000). Economic Analysis of an Aquaponic System for the Integrated Production of Rainbow Trout and Plants. *International Journal of Recirculating Aquaculture*, 1(1), 15-34.

Alcarráz-Quispe, E. W., Tapia-Figueras, M. L., Bustamante-Pezoa, A., Tapia-Laguna, O., Wacyk-Gonzales, J., & Escalona-Contreras, V. H. (2018). Evaluación de la concentración de nitratos, calidad microbiológica y funcional en lechuga (*Lactuca sativa* L.) cultivadas en los sistemas acuapónico e hidropónico. *Anales*

- Científicos*, 79(1), 101-110. doi:<http://dx.doi.org/10.21704/ac.v79i1.1145> Angulo-Carmona, R. (2009). *Fresa Fragaria ananassa*. Colombia: Bayer CropScience S. A.
- Bartelme, R. P., Smith, M. C., Sepulveda-Villet, O. J., & Newton, R. J. (2019). Component Microenvironments and System Biogeography Structure Microorganism Distributions in Recirculating Aquaculture and Aquaponic Systems. *mSphere*, 4, e00143-19. doi:<https://doi.org/10.1128/mSphere.00143-19>.
- Bou, G., Fernández-Olmos, A., García, C., Sáez-Nieto, J. A., & Valdezate, S. (2011). Métodos de identificación bacteriana en el laboratorio de microbiología. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología clínica*, 29(8), 601-608. doi:<https://doi.org/10.1016/j.eimc.2011.03.012>
- Buzby, K. M., Waterland, N. L., Semmens, K. J., & Lin, L.-S. (2016). Evaluating aquaponic crops in a freshwater flow-through fish culture system. *Aquaculture*, 460, 15-24. doi:<http://dx.doi.org/10.1016/j.aquaculture.2016.03.046>
- Carrasco-F, J., Millas-Ortiz, P., Santelices-S, C., & Castro-F, J. F. (2020). *Identificación de microorganismos*. Chile: Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Obtenido de <https://biblioteca.inia.cl/handle/123456789/67169> (Consultado: 27 febrero 2021).
- Castro-Escarpulli, G., Alonso-Aguilar, N. M., Rivera-Sánchez, G., Bocanegra-García, V., Guo, X., JuárezEnríquez, S. R., . . . Aguilera-Arreola, M. G. (2015). Identification and Typing Methods for the Study of Bacterial Infections: a Brief Review and Mycobacterial as Case of Study. *Atchives of Clinical Microbiology*, 7(1:3), 11.
- Cohen, A., Malone, S., Morris, Z., Weissburg, M., & Bras, B. (2018). Combined Fish and Lettuce Cultivation: An Aquaponics Life Cycle Assessment. *Procedia CIRP*, 69, 551-556. doi:<https://doi.org/10.1016/j.procir.2017.11.029>
- Collins, M. T., Gratzek, J. B., Shotts Jr., E. B., Dawe, D. L., Campbell, L. M., & Senn, D. R. (1975). Nitrification in an Aquatic Recirculating System. *Journal of the Fisheries Research Board of Canada*, 32(11), 2025-2032.
- CONEVAL. (2010). *Dimensiones de la seguridad alimentaria: Evaluación Estratégica de Nutrición y Abasto*. México: CONEVAL.
- Cortés-López, N. G., Ordóñez-Baquera, P. L., & Domínguez-Viveros, J. (2020). Herramientas moleculares utilizadas para el análisis metagenómico.Revisión. *Revista mexicana de ciencias pecuaria*, 11(4), 11501173. doi:<https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i4.5202>
- Eck, M., Razack-Sare, A., Massart, S., Schmutz, Z., Junge, R., Smits, T. H., & Jijakli, M. H. (2019). Exploring Bacterial Communities in Aquaponic Systems. *Water*, 11(260). doi:<https://doi.org/10.3390/w11020260>
- El-Essawy, H., Nasr, P., & Sewilam, H. (2019). Aquaponics: a sustainable alternative to conventional agriculture in Egypt – a pilot scale investigation. *Environmental Science and Pollution Research*, 26(16), 15872-15883. doi:<https://doi.org/10.1007/s11356-019-04970-0>
- FAO. (2016). *Cambio climático y seguridad alimentaria y nutricional América Latina y el Caribe*. Chile: Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura .

- Fernández-Olmos, A., García-De la Fuente, C., Saéz-Nieto, J. A., & Valdezate-Ramos, S. (2010). *Métodos de identificación bacteriana en el laboratorio de microbiología*. (E. Carcenado, & R. Cantón, Edits.) España: Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica.
- García, F. (2020). Actualización cerrada de producción anual pesquera y acuícola al 2019. *Revista Divulgación Acuícola*.
- Girón-Ovalle, E. (2018). Desarrollo de un paquete biotecnológico para la producción de fresa variedad Florida Festival en un cultivo acuapónico suplementado. (*Tesis de Maestría*). Universidad Autónoma de Querétaro, Querétaro.
- Hervé, B. (2015). Nuevas tecnologías en diagnóstico microbiológico: automatización y algunas aplicaciones en identificación microbiana y estudio de susceptibilidad. *Revista Médica Clínica Las Condes*, 26(6), 753-763. doi:<https://doi.org/10.1016/j.rmclc.2015.11.004>.
- INAPESCA, & SAGARPA. (2012). *Carta Nacional Acuicola*. México: Diario Oficial de la Federación .
- INIA, & INDAP. (2017). *Manual de manejo agronómico de la frutilla*. Chile: Instituto de Investigaciones Agropecuarias.
- Khiari, Z., Kaluthota, S., & Savidov, N. (2019). Aerobic bioconversion of aquaculture solid waste into liquid fertilizer: Effects of bioprocess parameters on kinetics of nitrogen mineralization. *Aquaculture*, 500, 492-499. doi:<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2018.10.059>
- König, B., Junge, R., Bittsanszky, A., Villarroel, M., & Komives, T. (2016). On the sustainability of aquaponics. *Ecocycles*, 2(1), 26-32. doi:<https://doi.org/10.19040/ecocycles.v2i1.50>
- López-Salazar, R., & Sandoval-Godoy, S. A. (2018). La seguridad alimentaria en México: el reto inconcluso de reducir la pobreza y el hambre. *Espacio Abierto*, 27(1), 125-147.
- Love, D. C., Fry, J. P., Genello, L., Hill, E. S., Frederick, J. A., Li, X., & Semmens, K. (2014). An International Survey of Aquaponics Practitioners. *PLoS ONE*, 9(7), e102662. doi:<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0102662>
- Love, D. C., Fry, J. P., Li, X., Hill, E. S., & Genello, L. (2015). Commercial aquaponics production and profitability: Findings from an international survey. *Aquaculture*, 435, 67-74. doi:<http://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2014.09.023>
- Lucas, N. (31 de Marzo de 2021). México, entre los 5 mejores países de América Latina del Índice Mundial de Seguridad Alimentaria 2020. *El economista*.
- Mantilla-Martínez, M. J., & Torres-Sáez, R. G. (2019). Enfoque metagenómico para la caracterización del microbioma de aves corral. Revisión. *Revista Colombiana de Biotecnología*, 21(2), 77-97. doi:<https://www.doi.org/10.15446/rev.colomb.biote.v21n2.78390>
- Maucieri, C., Forchino, A. A., Nicoletto, C., Jungle, R., Pastres, R., Sambo, P., & Borin, M. (2018). Life cycle assessment of a micro aquaponic system for educational purposes built using recovered material. *Journal of Cleaner Production*, 172, 3119-3127. doi:<https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2017.11.097>
- Monterroso-Rivas, A., Gómez-Díaz, J., Sáenz-Romero, C., Lluch-Cota, S., Pérez-Espejo, R., JavierSalvadeo, C., . . . Baca-Del Moral, J. (2016). Sistemas de Producción de Alimentos y Seguridad Alimentaria. En

Reporte mexicano de cambio climático: Grupo II impactos, vulnerabilidad y adaptación (págs. 97-118). México: UNAM.

- Munguia-Fragozo, P., Alatorre-Jacome, O., Torres-Pacheco, I., Cruz-Hernández, A., Rico-García, E., Ocampo-Velazquez, R. V., . . . Guevara-González, R. G. (2015). Perspective for Aquaponic Systems: "Omic" Technologies for Microbial Community Analysis. *BioMed*. doi:<http://dx.doi.org/10.1155/2015/480386>
- Naegel, L. (1977). Combined production of fish and plants in recirculating water. *Aquaculture*, *10*, 17-24.
- Ortiz-Estrada, Á. M., Martínez-Porchas, M., & Vargas-Albores, F. (2017). La secuencia completa del gen ARN ribosomal 16s, una promesa para mejorar la precisión en la asignación taxonómica microbiana. En *Microbiología ambiental en México Diagnóstico, tendencias en investigación y áreas de oportunidad* (págs. 50-62). Mérida, Yucatán, México: CONACYT/UNAM.
- Pérez-Gómez, M. L., & Sánchez-Jiménez, G. (2016). Producción de Fresa (*Fragaria x ananassa Duch*) en un sistema acuapónico. (*Tesis de Licenciatura*). Universidad Autónoma Chapingo, Estado de México.
- SAGARPA. (2017). *Planeación Agrícola Nacional*. Mexico: SAGARPA.
- Schmautz, Z., Graber, A., Jaenicke, S., Goesmann, A., Junge, R., & Smits, T. H. (2016). Microbial diversity in different compartments of an aquaponics system. *Archives of Microbiology*, *199*. doi:<https://doi.org/10.1007/s00203-016-1334-1>
- Sosa-Rodríguez, F. (2015). Política del Cambio climático en México: avances, obstáculos y retos. Realidad, Datos y Espacio. *Revista Internacional de Estadística y Geografía*, *4*-23.
- Suárez-Moya, A. (2017). Microbioma y secuenciación masiva. *Rev Esp Quimioter*, *30*(5), 305-311.
- UNU (2019). *El hambre afecta a 42,5 millones de personas en América Latina y el Caribe*. Chile: Naciones Unidas México.
- Valenzuela, R., Martínez, P., & Arevalo, J. J. (2018). Evaluación preliminar de un sistema de recirculación de aguas para un prototipo implementado en la producción de tilapia roja (*Oreochromis sp.*). *Ingeniería y Región*, *23*-32.
- Wei, Y., Li, W., An, D., Li, D., Jiao, Y., & Wei, Q. (2019). Equipment and Intelligent Control System in Aquaponics: A Review. *IEEE Access*, *7*, 169306-169326. doi:<https://doi.org/10.1109/ACCESS.2019.295349>
- Wu, F., Ghamkhar, R., Ashton, W., & Hicks, A. L. (2019). Sustainable Seafood and Vegetable Production: Aquaponics as a Potential Opportunity in Urban Areas. *Integrated Environmental Assessment and Management*, *1*-12.
- Yep, B., & Zheng, Y. (2019). Aquaponic trends and challenges e A review. *Journal of Cleaner Production*, *228*, 1586-1599. doi:<https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2019.04.290>
- Zou, Y., Hu, Z., Zhang, J., Xie, H., Guimbaud, C., & Fang, Y. (2016). Effects of pH on nitrogen transformations in media-based aquaponics. *Bioresource Technology*, *30*. doi:<https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.12.07>

Zuluaga-González, N. A., & Martínez-Yáñez, R. (2017). Capacidad de absorción de amonio de plantas acuáticas como filtros biológicos en sistemas acuapónicos. *Jóvenes en la ciencia*, 3(2), 112-116.

Proyecto: Aislamiento e identificación de microorganismos asociados al cultivo acuapónico de peces comestibles y de fresa (*Fragaria* sp).

Alumna: Paulina Huizar Ávila.

Vo.Bo. de los contenidos académicos



M. en C. Patricia Martínez Cruz
Laboratorio de Biotecnología, N-104
Departamento Sistemas Biológicos
pmartine@correo.xoc.uam



M. en C. Eduardo Maya Peña
Laboratorio de Calidad y uso del Agua
Departamento el Hombre y su Ambiente
emaya@correo.xoc.uam.mx