

LA MICROBIOTA CULTIVABLE DEL HEPATOPÁNCREAS E INTESTINO DEL CAMARÓN BLANCO DEL PACÍFICO (*LITOPENAEUS VANAMMEI*)

Melany Cervantes-Echeverría, Rodrigo García-López & Adrián Ochoa-Leyva. Instituto de Biotecnología, UNAM. Cuernavaca, Morelos, 62210. melany.cervantes@ibt.unam.mx

Palabras clave: Camarón blanco, microbiota, cultivo.

Introducción. La acuicultura de camarón es una de las actividades económicas de mayor relevancia en México. El hepatopáncreas e intestino de camarón contienen una riqueza importante de bacterias que participan en la homeostásis del hospedero. Las poblaciones bacterianas del camarón se han estudiado principalmente utilizando la secuenciación masiva de ADN sin necesidad de cultivos o aislando especies en particular, pero no existen reportes intentando cultivar la mayor parte de la riqueza de la microbiota bacteriana presente en ambos órganos.

Metodología. Con el objetivo de cultivar la mayor riqueza de la microbiota del hepatopáncreas y el intestino del camarón se probaron 15 diferentes medios de cultivo modificados y propiedad del laboratorio con diferentes compuestos, ricos en nutrientes y fuentes de carbono. Se inocularon con un macerado de 6 órganos e incubaron a 30 °C en condiciones aerobias. Posteriormente, se extrajo el ADN bacteriano y se amplificaron las regiones V3-V4 del rRNA 16s para realizar secuenciación masiva. Finalmente, se generó el análisis bioinformático de los géneros cultivados, su comparación con el inóculo inicial (sin cultivar), así como la inclusión de un grupo de datos de bacterias de intestino y camarón secuenciadas a través del tiempo en los años 2015, 2016, 2017 y 2018.

Resultados. La secuenciación a través del tiempo, grupo Tiempo (Fig. 1a), permitió la identificación de 334 géneros bacterianos presentes en el intestino y 8 de estos géneros (2.39%) lograron cultivarse en los medios. Interesantemente, estos géneros cultivados representan el 36.13% de la abundancia relativa del grupo Tiempo. La mezcla de intestinos utilizada como inóculo presentó 186 géneros de los cuales 101 (54%) se encontraron en la microbiota a través del tiempo y 8 (4.30%) se lograron cultivar, los cuales contenían el 24.18 % de la abundancia relativa del inóculo. Los cultivos de intestino adicionados con Medio M1 favorecieron la abundancia del género *Photobacterium* mientras los medios sin combinar presentaron mayor riqueza de géneros como *Pantoea*, *Acinetobacter*, etc. (Fig. 1a y b).

La secuenciación del hepatopáncreas a través del tiempo, grupo Tiempo (Fig. 1c), permitió la identificación de 618 géneros de los cuales 4 (0.64%)

lograron cultivarse y que representaron el 30.33% de la abundancia relativa del grupo Tiempo. Además, la mezcla de hepatopáncreas usada como inóculo presentó 52 géneros y 4 de ellos (7.7%) pudieron cultivarse en los diferentes medios, los cuales contenían el 52.12 % de la abundancia relativa del inóculo. Los cultivos de hepatopáncreas adicionados con Medio M1 favorecieron la abundancia del género *Photobacterium* mientras los medios sin combinar presentaron mayor riqueza de géneros como *Pantoea*, *Klebsiella*, etc. (Fig. 1b y c).

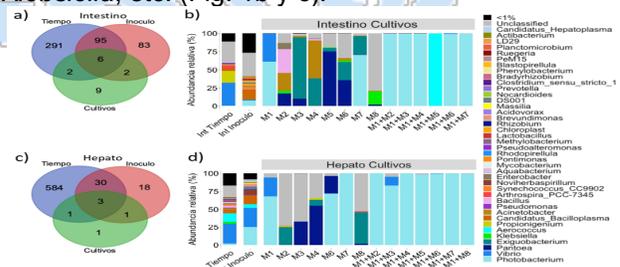


Fig. 1. Géneros compartidos de a) intestino y c) hepatopáncreas del grupo Tiempo, cultivos y el inóculo. Abundancias de géneros de b) intestino y c) hepatopáncreas del grupo Tiempo, cultivos y el inóculo.

Conclusiones. Una baja riqueza de los géneros bacterianos presentes en el intestino y el hepatopáncreas de camarón logra cultivarse en condiciones aerobias. Sin embargo, los géneros cultivados representan el 36.13% y el 30.33% de la abundancia relativa de la microbiota del intestino y hepatopáncreas secuenciada a través del tiempo respectivamente. Por otro lado, los medios de cultivo individuales permiten el crecimiento de una mayor riqueza que los combinados con M1.

Agradecimiento. DGAPA-PAPPIT-UNAM IN215520 y CONACYT Ciencia de Frontera 2019-263986.

Bibliografía.

1. Anuario estadístico de acuicultura y pesca 2020 de la comisión nacional de acuicultura y pesca. (2020).
2. Cornejo-Granados, F., Gallardo-Becerra, L., Leonardo-Reza, M., Ochoa-Romo, J. P., & Ochoa-Leyva, A. (2018) *PeerJ*, (8).
3. Ali, S., Xie, J., Zada, S., Hu, Z., Zhang, Y., Cai, R. & Wang, H. (2022) *AMB Express*. 12(1):82