

PERSPECTIVA DEL HOLOBIONTE: IMPACTO DE LA GENÉTICA EN LA MICROBIOTA DEL CAMARÓN BLANCO DEL PACÍFICO (*L. vannamei*).

Fernanda Cornejo-Granados¹, Luigui Gallardo-Becerra¹, Sandra Romero-Hidalgo², Alonso López-Zavala³, Rogerio Sotelo-Mundo⁴, Andrés Cota-Huizar⁵, Adrián Ochoa-Leyva¹.

1. Dpto. Microbiología Molecular, Instituto de Biotecnología (IBT), Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), Cuernavaca, Morelos, 62210. 2 Dpto. Genómica Computacional, Instituto Nacional de Medicina Genómica, (INMEGEN), Ciudad de México, 14610. 3 Dpto. de Ciencias Químico-Biológicas. Universidad de Sonora (UNISON), Hermosillo, Sonora, 83000. 4. Laboratorio de Estructura Biomolecular, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C. (CIAD), Hermosillo, Sonora, 83304. 5 Camarones El Renacimiento SPR de RI., Higuera de Zaragoza, Sinaloa, 81330, México. Correo: fernanda.cornejo@ibt.unam.mx

Palabras clave: metagenómica, microbiota, hologenoma.

Introducción. El hologenoma contempla que hay una simbiosis y co-evolución entre el hospedero y su microbiota. Esta interacción ayuda a la adaptación del hospedero gracias a las funciones que aporta la microbiota(1). En crustáceos como el camarón el manejo adecuado de la microbiota es esencial para una producción sostenible y de calidad(2,3). Sin embargo, la información sobre la relación entre la genética del hospedero y la microbiota es escasa. Por ello, en este trabajo analizamos la microbiota del hepatopáncreas y el intestino asociada a dos líneas genéticas de *L. vannamei* en condiciones reales de cultivo.

Metodología. Se caracterizó la región V3-V4 del gen ribosomal 16S en el hepatopáncreas y el intestino de dos líneas genéticas de *L. vannamei* criados en tres estanques de producción (Fig. 1). Este diseño experimental permitió determinar el impacto de la genética descartando la influencia del estanque.

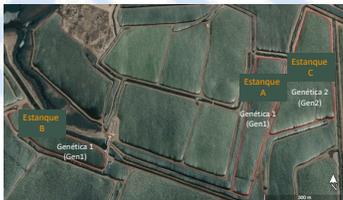


Fig. 1. Distribución de los estanques y las líneas genéticas de *L. vannamei*.

Resultados. Los análisis de varianza (Anosim y Permanova) mostraron que el órgano era la variable con mayor impacto ($p=0.001$) en la diversidad de la microbiota (Fig. 2). Por otro lado, la microbiota del hepatopáncreas mostró enriquecimiento en funciones de metabolismo de ácidos grasos, energía y cuerpos cetónicos, mientras que el intestino mostró metabolismo de aminoácidos, almidón y sacarosa. Al comparar las líneas genéticas, observamos que esta

explica un 30% ($r=0.30$, $p<0.05$) de las diferencias en la microbiota del hepatopáncreas, mientras que en el intestino el efecto no fue significativo. Notablemente, Gen1 mostró mayor diversidad y amplitud de nicho (Fig. 2) sugiriendo que la microbiota de Gen1 aprovecha mejor los recursos disponibles. Además, la microbiota de Gen1 mostró mayor abundancia de bacterias con potencial probiótico, lo que puede asociarse a un mejor estado de salud.

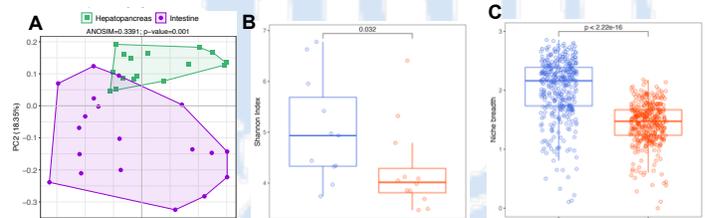


Fig. 2. A. Análisis de beta diversidad de la microbiota en las muestras etiquetadas por órgano. B. Índice de diversidad de Shannon y C. Amplitud de nicho en la microbiota de Gen1 y Gen2.

Conclusiones. i) El órgano tuvo el impacto más significativo en la composición de la microbiota. ii) La microbiota realiza actividades que complementan la función de cada órgano. iii) La genética tiene una mayor influencia en la microbiota del hepatopáncreas.

Agradecimiento. A los programas DGAPA IN-219723, CONACyT Ciencia-Frontera-2019-263986 y al Programa de Intercambio Académico 2018–2019 CIC-UNAM-CIAD y CIC-UNAM-UNISON. Al CONACyT por la beca posdoctoral de F.C-G (CVU 443238) Programa Estancias Posdoctorales por México 2022, y por la Beca doctoral de L.G-B (CVU 778192).

Bibliografía. 1. Zilber-Rosenberg I, Rosenberg E. (2008) *FEMS Microbiol Rev* 32, 723-735. 2. Cornejo-Granados F, Lopez-Zavala AA, et al. (2017) *Sci Rep* 7, 11783 (2017). 3. Cornejo-Granados F., Gallardo-Becerra L, et al. (2018) *PeerJ* 6, e5382.