



ALLIANCE™

[.https://www.globalseafood.org](https://www.globalseafood.org)Health &
Welfare

Diferencias en la microbiota intestinal en camarones blancos del Pacífico de invernadero y sistemas acuapónicos

27 March 2023

By Dr. Hui Shen

La microflora intestinal del camarón se deriva en gran medida del entorno de cría acuático

Un sistema acuapónico se caracteriza por una relación simbiótica entre animales acuáticos, plantas y biofloc. Las bacterias son responsables de transformar los efluentes ricos en nitrógeno en formas metabólicas que pueden ser absorbidas por las plantas, mejorando así la eficiencia de eliminación de nutrientes y apoyando la producción vegetal. En los últimos años, los sistemas acuapónicos entre peces y vegetales han sido un foco de investigación, particularmente en términos de peces de agua dulce y vegetales.

Sin embargo, no hay informes que involucren un sistema acuapónico para el camarón blanco del Pacífico (*Litopenaeus vannamei*) y varios vegetales en condiciones salobres (salinidad 5-15). En este estudio, se explora un modo de crianza acuapónica entre *L. vannamei* y el arbusto de boj (*Lycium barbarum*) en condiciones de salinidad de 10 ppt.

Este estudio – resumido de la **publicación original** (<https://doi.org/10.3390/life13020525>). (Dou, Y. et



Este estudio investigó las diferencias en la microbiota intestinal y del agua entre los sistemas de producción de invernadero y acuaponía para *L. vannamei*. Foto de Fernando Huerta.

al. 2023. Intestinal Microbiota Differences in *Litopenaeus vannamei* Shrimp Between Greenhouse and Aquaponic Rearing. *Life* 2023, 13(2), 525) – informa sobre un estudio que exploró las diferencias en la microbiota intestinal y del agua entre sistemas de producción de invernadero y acuaponía para *L. vannamei*.

Configuración del estudio

En este estudio, los autores recolectaron muestras de camarones de estanques de crianza en invernadero (WG) y acuaponía (YG), y muestras de agua (WE, YE) e investigaron la microbiota intestinal y del agua entre los dos modos de crianza.

(<http://www.choicegroup.in/canning>).

Los camarones juveniles de un criadero comercial de camarones marinos se cultivaron a 400 animales por metro cuadrado en el sistema de invernadero y a 1000 camarones por metro cuadrado en el sistema acuapónico. Las muestras de agua y los intestinos de los camarones de los estanques de invernadero (WG) y los estanques acuapónicos (YG) se recolectaron cuando los animales habían sido criados durante 60 días y los tamaños corporales de los camarones oscilaban entre 11,9 y 12,7 cm. Las muestras de agua y tracto digestivo se sometieron a una variedad de análisis.

Para obtener información detallada sobre el diseño experimental, la cría de animales y la recolección y conservación de muestras; la extracción de ADN, la amplificación por PCR y otros procedimientos y análisis estadísticos, consultar la publicación original.

Resultados y discusión

Hay una falta de comprensión de la diferencia entre estanques de tierra en invernadero y estanques acuapónicos que crían *L. vannamei*. En nuestro estudio, el análisis de las mediciones de diversidad específica mostró que la diversidad microbiana de las muestras de agua (WE, YE) fue significativamente mayor que la de las muestras intestinales (WG, YG). Esto sugiere que la microflora en los intestinos de los camarones se derivó en gran medida del entorno acuático cercano o que los dos contribuyeron a la formación de la microflora, y que la microbiota intestinal de los camarones puede actuar como una barrera contra la microbiota ambiental circundante.

A nivel de filo, el análisis estadístico entre WE y WG reveló que las bacterias comunes eran, en orden descendente, Proteobacteria, Actinobacteriota, Bacteroidota, Patescibacteria y Chloroflexi. Estas son diferentes de las bacterias comunes entre YE y YG: Proteobacteria, Actinobacteriota, Firmicutes, Bacteroidota y Verrucomicrobiota. Otros investigadores informaron anteriormente que Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteria y varios otros son los filos dominantes en *L. vannamei* y el entorno circundante. En nuestro estudio, Proteobacteria y Actinobacteriota fueron las bacterias más prevalentes en ambos modos de cultivo.

A nivel de género, el análisis entre WE y WG reveló que *Amaricoccus*, *Micrococcales*, *Flavobacteriaceae* y *Paracoccus* eran los géneros bacterianos dominantes, mientras que *Acinetobacter*, *Demequina* y *Rheinheimera* fueron los géneros bacterianos dominantes entre YE y YG. Esto indica que la flora central entre los modos de invernadero y acuaponía fue significativamente diferente. Los géneros bacterianos *Amaricoccus*, *Paracoccus* y *Tessaracoccus* fueron comunes entre WE y WG, significativamente más altos que entre YE y YG. Los géneros *Aricoccus* y *Paracoccus* son bacterias desnitrificantes aeróbicas típicas que tienen la capacidad de descomponer una amplia gama de compuestos orgánicos y transformar el nitrato en gas nitrógeno.



Fig. 1: Modo de crianza en invernadero y modo de crianza en acuaponía. (a) La estructura externa de los estanques de invernadero; (b) estructura interna de estanques de invernadero con agua de aproximadamente 0,8 m de profundidad; (c) estanque de cría del modo de acuaponía; (d) envases reciclables de base biológica combinados con plantas de crianza acuapónica.



Investigación de verdolaga de playa en el Parque de Investigación de Acuacultura de Mote

El Parque Mote de Investigación de Acuacultura en Florida está desarrollando un sistema de acuaponía recirculante a escala piloto para la verdolaga de playa, una útil planta halófila.



Global Seafood Alliance

El grupo YG tuvo una mayor abundancia de *Acinetobacter*, que son patógenos oportunistas. Además, la presencia de *Rhizobium*, una bacteria simbiótica que se encuentra típicamente en las raíces de las plantas en el grupo YG, sugiere que la microbiota intestinal del camarón interactuó con las bacterias de las raíces de las plantas.

Estudios previos indicaron una fuerte relación entre la microbiota de los intestinos de los camarones y el agua circundante, lo que sugiere que los microorganismos del agua ambiental pueden interactuar con la microbiota de los animales acuáticos. Identificamos 20 filos comunes entre WE y WG y no hubo filos únicos en WG en comparación con WE. En contraste, se observaron ocho filos únicos en YG en comparación con YE, lo que sugiere que la interacción entre los intestinos de los camarones y el agua en el modo de invernadero fue más fuerte que en el modo acuapónico. Es probable que la presencia de microfloculos en el cuerpo de agua del modo invernadero sea lo que causó el fuerte efecto de conformación en los intestinos de los camarones mientras se alimentaban de estos microfloculos.

A pesar de las diferencias considerables entre los sistemas de invernadero y acuapónicos, los ciclos de nitrógeno como la desnitrificación, la desnitrificación con óxido nitroso, la desnitrificación con nitritos, la desnitrificación con nitratos, la respiración con nitritos y la respiración con nitratos no mostraron variaciones significativas. Esto sugiere que los sistemas de desnitrificación autótrofos y heterótrofos en los grupos YE y WE fueron capaces de eliminar efectivamente el nitrógeno del agua.

Perspectivas

Comparamos la microbiota de muestras de camarones de estanques de crianza en invernadero (WG) y acuaponía (YG), y muestras de agua (WE, YE) para determinar las diferencias en las poblaciones de microbiota entre los modos de invernadero y acuaponía. Nuestros resultados revelaron que básicamente no hubo diferencias significativas en las diversidades específicas entre los dos sistemas de producción en términos de microbiota intestinal de camarón y microbiota de agua. Sin embargo, las bacterias comunes entre WE y WG diferían significativamente de las de YE y YG cuando se analizaron a nivel de filo y género. Varias vías metabólicas – incluida la biosíntesis de metabolitos secundarios, el metabolismo microbiano y el metabolismo del carbono – se activaron significativamente más en WG que en YG.

Author



DR. HUI SHEN

Corresponding author

College of Fisheries and Life Science, Shanghai Ocean University, Shanghai 201306, China

darkhui@163.com (<mailto:darkhui@163.com>).

Copyright © 2023 Global Seafood Alliance

All rights reserved.