



ALLIANCE™

(<https://www.globalseafood.org>).



**Responsible
Seafood**
ADVOCATE



Aquafeeds

Reseña de Captura y Cultivo: Adaptación de la microbiota intestinal para la resiliencia microbiana en el cultivo hipersalino de camarón

16 March 2026

By Darryl Jory, Ph.D.

**Información valiosa para el desarrollo de estrategias de
acuacultura sostenibles y orientadas a la salud para *P.
vannamei* en entornos de alta salinidad**



Los resultados de un estudio en China ofrecen información para mejorar la gestión sanitaria y las estrategias de prevención de enfermedades en sistemas acuícolas de camarón de alta salinidad. Fotografía de Salma Achiri y Francisco Miranda.

¿Cómo influyen los gradientes extremos de salinidad en la microbiota intestinal del camarón blanco del Pacífico (*Penaeus vannamei*)? La microbiota intestinal del camarón es esencial para mantener la salud del huésped y permitir la adaptación al estrés ambiental. Sin embargo, aún no se ha caracterizado con precisión cómo responde la comunidad microbiana intestinal de *P. vannamei* a niveles elevados de salinidad.

En China, **Xiangli Tian** (<https://doi.org/10.3390/w18030366>) y sus colaboradores emplearon la secuenciación metagenómica – una técnica que secuencia y analiza directamente el ADN colectivo de todos los microorganismos presentes en una muestra ambiental o biológica compleja sin necesidad de cultivar ni aislar especies individuales, lo que permite un estudio exhaustivo de la estructura, la diversidad y el potencial funcional de la comunidad microbiana – para examinar y comparar la composición estructural y las capacidades funcionales de las bacterias intestinales en camarones mantenidos en condiciones de salinidad baja (L-), media (M-) y alta (H-).

La diversidad alfa – una medida de la riqueza y uniformidad de especies o taxones dentro de una misma muestra o comunidad – de la microbiota aumentó significativamente a medida que aumentaba la salinidad, y el análisis de coordenadas principales (PCoA) demostró una agrupación distintiva y una clara separación de las comunidades microbianas en los tres grupos de salinidad. El análisis de la microbiota central identificó siete taxones compartidos por todos los grupos, cinco de ellos pertenecientes al género *Vibrio*. El análisis de rastreo de la fuente microbiana mostró que la contribución de las bacterias originarias del entorno circundante aumentó progresivamente con el aumento de la salinidad.

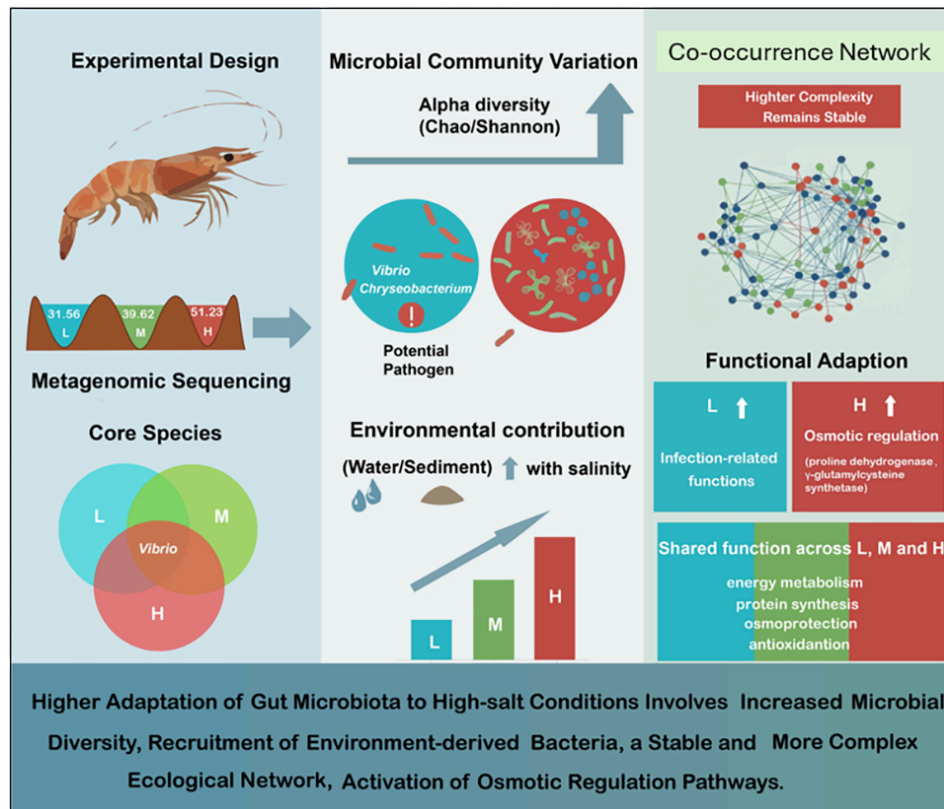
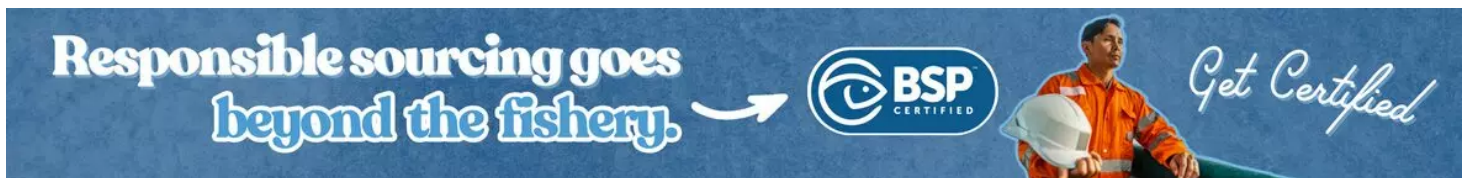


Fig. 1: Resumen gráfico del estudio. Adaptado del original.



(<https://bspcertification.org/>).

El análisis de datos indicó que las redes en los grupos de salinidad M- y H- presentaban una estructura más compleja, pero presentaban niveles de estabilidad similares a los observados en el grupo de salinidad L-, según descubrieron los autores. Cabe destacar que el grupo de baja salinidad (L-) se enriqueció en taxones potencialmente patógenos (como *Vibrio* y *Chryseobacterium*), así como en funciones relacionadas con la infección y la patogenicidad.

El perfil funcional reveló que el grupo de alta salinidad (H-) se enriqueció particularmente en enzimas clave, como la prolina deshidrogenasa, la glutamato-cisteína ligasa y las metiltransferasas. Estas enzimas están interconectadas en vías que involucran solutos compatibles, los cuales, en conjunto, desempeñan un papel fundamental en el refuerzo de la osmo-protección microbiana bajo estrés hipersalino. Además, en todos los niveles de salinidad, ciertas funciones esenciales se mantuvieron presentes de forma consistente, relacionadas con el metabolismo energético, la síntesis de proteínas, la osmo-protección y los mecanismos de defensa antioxidante.

En conjunto, los resultados de los autores proporcionan la primera demostración simultánea, desde perspectivas tanto estructurales como funcionales, de las posibles características patógenas que dominan la microbiota intestinal en condiciones de baja salinidad y las estrategias adaptativas que

emplea en ambientes hipersalinos (H-). Sus hallazgos ofrecen una valiosa guía para mejorar la gestión sanitaria y las estrategias de prevención de enfermedades en sistemas de acuicultura de camarón de alta salinidad.

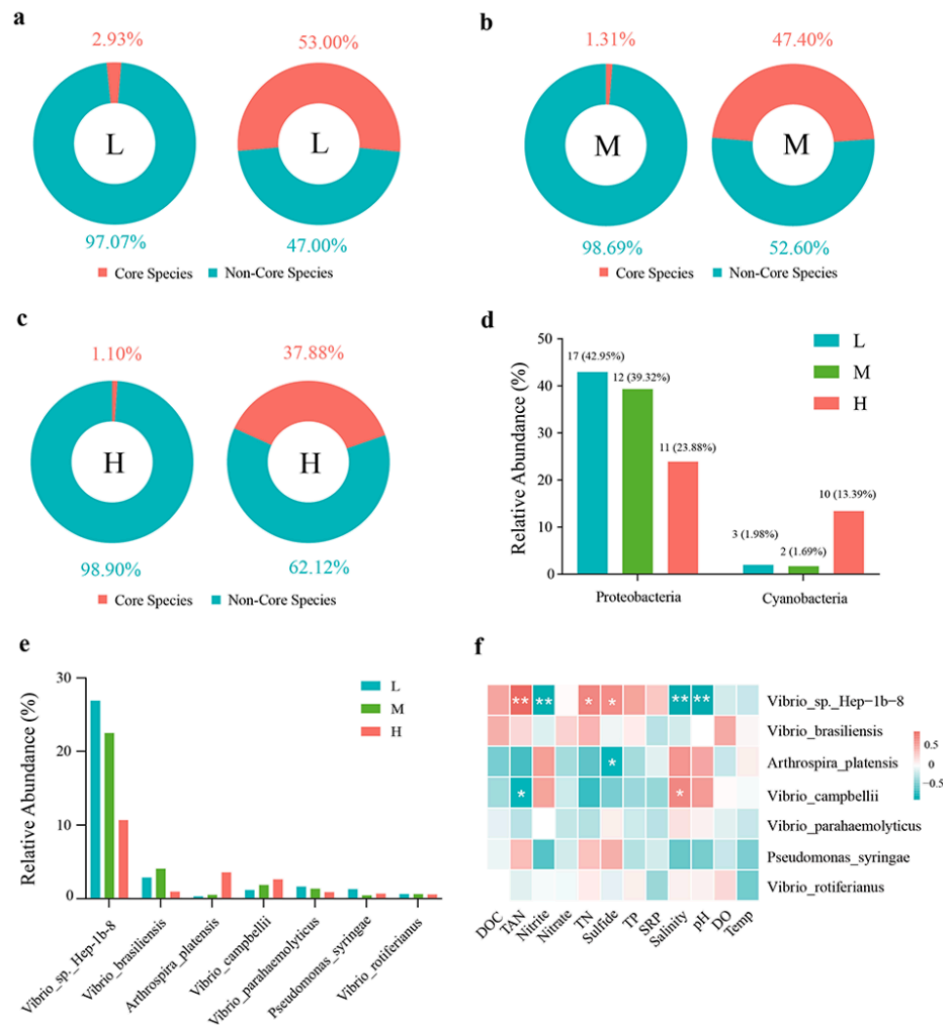


Fig. 2: Proporción y abundancia relativa de las especies bacterianas centrales en el intestino del camarón de diferentes salinidades. (a) Grupo de salinidad L; (b) Grupo de salinidad M; (c) Grupo de salinidad H; (d) Distribución (número y abundancia relativa) de las especies centrales a nivel de filo; (e) Abundancia relativa de siete especies centrales compartidas en los grupos de salinidad L, M y H; (f) Mapa de correlación entre las especies centrales compartidas y los factores ambientales. Nota: L: estanque de baja salinidad; M: estanque de salinidad media; H: estanque de alta salinidad; * $0,01 < p < 0,05$, ** $0,001 < p \leq 0,01$. Adaptado del original.

Relevancia de los resultados de la investigación para la industria

La producción anual de *P. vannamei* en sistemas de estanques hipersalinos, como los de la bahía de Bohai en China y otros lugares, suele ser entre un 20 y un 40 por ciento inferior a la obtenida en condiciones óptimas, debido principalmente a la disbiosis inducida por la salinidad (un desequilibrio o alteración en la composición, diversidad o función de una comunidad microbiana, como la microbiota intestinal, que se desvía de un estado saludable y estable, lo que a menudo conlleva impactos negativos en la salud del huésped, la inmunidad o la susceptibilidad a enfermedades) de la microbiota intestinal y a los brotes de enfermedades asociadas, como la necrosis hepatopancreática aguda (AHPND), causada por una especie de *Vibrio*.

El hallazgo del presente estudio sobre el enriquecimiento de patógenos (incluyendo especies como *V. cholerae*) en entornos de baja salinidad proporciona información práctica para fortalecer las medidas de bioseguridad. Por ejemplo, el monitoreo rutinario de los niveles de nitrógeno amoniacal total (TAN) podría ayudar a mitigar estos riesgos, con el potencial de reducir las pérdidas de producción entre un 15 y un 30 por ciento, en consonancia con los resultados observados en ensayos de intervención con probióticos.

Por otro lado, las adaptaciones osmo-protectoras observadas en el grupo de alta salinidad (H), en particular la regulación positiva de las vías que involucran diversas enzimas, respaldan la viabilidad de expandir el cultivo de camarón a tierras baldías salino-alcálinas y otras tierras marginales. Este enfoque podría reducir sustancialmente la dependencia de los recursos de agua dulce, lo cual es especialmente importante dada la continua salinización impulsada por el clima y la tasa de crecimiento anual proyectada para el sector en el futuro cercano.

Entre las aplicaciones prácticas en la industria se incluye el desarrollo de alimentos suplementados con betaína que emulen estos mecanismos osmo-protectores microbianos, mejorando así las tasas de supervivencia en condiciones de estrés, como se ha demostrado en otros camarones peneidos de cultivo. Además, los consorcios probióticos a medida que incorporan cepas con similitudes funcionales con *Bacillus glennii* podrían ayudar a mantener comunidades estables de microbiota central, algo cada vez más crucial a medida que las infecciones por *Vibrio* se intensifican en respuesta al aumento de la temperatura del agua.

Para las operaciones de cultivo de camarón en el norte de China y otros lugares, estos hallazgos facilitan una mayor intensificación en tierras salinas marginales, a la vez que permiten la integración de tecnologías multi-ómicas para el monitoreo en tiempo real de la salud del camarón y la intervención temprana.

Perspectivas

Este estudio caracterizó sistemáticamente las características estructurales y funcionales de la comunidad bacteriana intestinal de *P. vannamei* en condiciones de acuicultura hipersalina, revelando diferencias significativas a través de los gradientes de salinidad. La alfa-diversidad bacteriana aumentó con la salinidad, acompañada de cambios distintivos en la composición de la comunidad y los perfiles funcionales. Proteobacteria fue el filo dominante, con *Vibrio* sp. Hep-1b-8 y *V. brasiliensis* como especies predominantes. Las funciones bacterianas compartidas a través de las salinidades se asociaron principalmente con el metabolismo energético, la síntesis de proteínas, la osmo-protección y la defensa antioxidante.

En general, estos hallazgos mejoran la comprensión de cómo las comunidades bacterianas intestinales del camarón se adaptan estructural y funcionalmente a las condiciones hipersalinas, proporcionando información valiosa para el desarrollo de estrategias de acuicultura sostenibles y orientadas a la salud para *P. vannamei* en ambientes de alta salinidad.

Tecnología de fermentación en alimentos acuícolas: Abordando el rendimiento mediante la innovación microbiana

Los alimentos fermentados aumentan la eficiencia de conversión alimenticia, fortalecen la función inmunitaria, promueven la salud intestinal y mejoran la calidad de los productos acuícolas mediante la predigestión microbiana y las acciones beneficiosas de los probióticos. Ofrecen un gran potencial para reducir los gastos de producción y mejorar el rendimiento operativo general, a la vez que abordan directamente los desafíos generalizados en las especies acuáticas de cultivo, como la capacidad digestiva reducida y la menor resistencia a las enfermedades. Foto de Darryl Jory.

La fermentación microbiana puede mejorar el rendimiento de los alimentos acuícolas para peces de cultivo y algunos crustáceos, ofreciendo el potencial de reducir los costos de producción y mejorar el rendimiento operativo, a la vez que aborda desafíos como la resistencia a las enfermedades.

Una revisión de **Caihuan Ke** (<https://doi.org/10.3390/microorganisms14020416>) y colaboradores sintetiza el papel de la fermentación, que implica el uso de microbios como bacterias lácticas, *Bacillus*, levaduras y mohos para procesar alimentos de origen vegetal (p. ej., harina de soya, harina de semilla de algodón), de origen animal (p. ej., harina de carne y hueso, proteínas de insectos) y energéticos (p. ej., maíz, salvado de trigo) en condiciones controladas.

Los procesos clave incluyen la fermentación aeróbica y anaeróbica, con parámetros óptimos como cepas para una degradación eficiente, temperaturas de 30 a 40 grados-C, duraciones de 2 a 10 días, niveles de humedad del 60 al 80 por ciento y monitoreo mediante cambios en la proteína cruda y títulos microbianos.

El alimento fermentado representa una forma innovadora de alimento funcional que mejora tanto la calidad nutricional como la palatabilidad de los alimentos acuícolas mediante procesos controlados de fermentación microbiana. Aborda eficazmente desafíos clave en la acuicultura, como la capacidad digestiva reducida, el debilitamiento de la función inmunitaria en las especies cultivadas y la dependencia excesiva de formulaciones a base de harina de pescado.

Los autores examinaron el alimento fermentado, sus ventajas, los principales tipos actualmente en uso y los factores clave que determinan su efectividad. Además, recopilamos evidencia de sus impactos positivos en las especies acuícolas, incluyendo un mejor rendimiento del crecimiento, un sistema inmunitario fortalecido, una modulación favorable de la microbiota intestinal y una mejor calidad del producto final.

Sin embargo, aunque los alimentos fermentados son muy prometedores para reducir los costos de producción y aumentar la eficiencia general, su adopción se ve actualmente limitada por la limitada fabricación industrial a gran escala y la relativa escasez de investigación centrada en especies de crustáceos.

Para impulsar una implementación más amplia en la acuicultura, los estudios futuros deberían priorizar la creación de bases de datos completas sobre parámetros de fermentación, el avance de tecnologías de fabricación inteligentes y automatizadas, y evaluaciones económicas exhaustivas que evalúen la relación costo-beneficio y la escalabilidad.

Fig. 3: Beneficios de los alimentos fermentados para animales de acuicultura.

Relevancia de los resultados de la investigación para la industria

Los hallazgos son muy relevantes para la industria acuícola, que se enfrenta a presiones derivadas del aumento de los costos de la harina de pescado, las exigencias de sostenibilidad y los brotes de enfermedades. Los alimentos fermentados ofrecen una alternativa viable al reducir la dependencia de la harina de pescado: sustituciones del 10 al 100 por ciento han demostrado mantener o mejorar el crecimiento en especies como la lubina negra, el mero y otras, lo que podría reducir los costos de producción al mejorar la eficiencia y la rentabilidad de los alimentos.

Las mejoras en la salud inmunitaria e intestinal se traducen en una menor mortalidad y el uso de antibióticos, en consonancia con las regulaciones globales sobre resistencia a los antimicrobianos. Por ejemplo, las hojas de moringa fermentadas potencian los antioxidantes, reduciendo el estrés oxidativo en la producción acuícola de alta densidad.

Ambientalmente, la fermentación degrada las micotoxinas y utiliza subproductos agrícolas como los residuos de yuca, lo que promueve la economía circular y reduce el desperdicio. Mejoras en la calidad del producto, como el aumento de yodo en el salmón y mejores perfiles de sabor, podrían aumentar el valor de mercado y el atractivo para el consumidor.

Sin embargo, la adopción en la industria se ve obstaculizada por la escasez de datos sobre crustáceos (p. ej., camarones y cangrejos), cuyos beneficios, como el aumento de serina/aspartato (+130 por ciento / 30 por ciento), son prometedores, pero poco estudiados. En general, estos hallazgos respaldan estrategias de alimentación escalables y ecológicas, pero requieren análisis económicos que justifiquen las inversiones en infraestructura de fermentación.

Perspectivas

Los alimentos fermentados mejoran la eficiencia de utilización del alimento, el rendimiento inmunitario, la salud intestinal y la calidad general de los productos acuícolas al aprovechar la predigestión microbiana y los efectos probióticos. Los alimentos fermentados son muy prometedores para reducir los costos de producción y mejorar la eficiencia operativa, a la vez que abordan eficazmente problemas comunes en las especies acuáticas de cultivo, como la digestión deficiente y la menor resistencia a las enfermedades.

Sin embargo, la adopción más amplia y el desarrollo de los alimentos fermentados siguen viéndose limitados por varios obstáculos clave, como las dificultades para controlar bacterias contaminantes indeseadas, la falta de conocimientos técnicos entre los profesionales y la comprensión incompleta de los mecanismos biológicos precisos implicados.

Los autores concluyeron que, para superar estas barreras y aprovechar al máximo el potencial, los esfuerzos futuros deberían priorizar lo siguiente: el desarrollo y la optimización de enfoques de fermentación con cepas mixtas, la implementación de sistemas de producción inteligentes y automatizados, la ampliación de la investigación centrada en especies de crustáceos (incluidos camarones y cangrejos) y la combinación estratégica de sinergias de diversas materias primas.

Estos avances impulsarán los alimentos fermentados hacia una mayor eficiencia, una mayor sostenibilidad ambiental y una mayor escalabilidad industrial, lo que, en última instancia, brindará un apoyo esencial para el crecimiento sostenible a largo plazo del sector acuícola.

Un análisis comparativo exhaustivo de modelos de predicción genómica en cuatro especies acuícolas

Un estudio establece un marco de evaluación unificado y comparable para evaluar sistemáticamente diversos modelos de predicción genómica en múltiples especies acuícolas. Mediante el análisis conjunto de la precisión de la predicción, el sesgo y la selección incremental de características de SNP, se aclaran las fortalezas y limitaciones de diferentes enfoques de modelado bajo arquitecturas genéticas heterogéneas. Fotografía de dorada, una de las especies estudiadas en esta investigación, por Amada44 (CC BY-SA 3.0, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0>, vía Wikimedia Commons).

La selección genómica –un método moderno de reproducción que utiliza marcadores genéticos de todo el genoma para predecir los valores genéticos o el rendimiento fenotípico de los individuos para rasgos complejos – podría tener un impacto importante en los protocolos de reproducción acuícola.

Una nueva investigación de **Hailiang Song** (<https://doi.org/10.3390/fishes11020115>) y sus colegas abordó la escasez de comparaciones estandarizadas entre especies en la selección genómica, que utiliza marcadores genómicos para predecir valores genéticos de forma temprana, acelerando así el desarrollo genético en características clave como el crecimiento y la resistencia a enfermedades en especies con alta fecundidad y largos intervalos generacionales.

La predicción genómica se utiliza ampliamente en programas de cría selectiva de especies acuícolas; sin embargo, las comparaciones exhaustivas y sistemáticas de la precisión de la predicción entre múltiples especies y diversos métodos analíticos, realizadas dentro de un único marco estandarizado, aún son escasas.

Este estudio realizó una evaluación exhaustiva del rendimiento de la predicción genómica entre especies en cuatro importantes especies acuícolas: salmón del Atlántico (*Salmo salar*), dorada (*Sparus aurata*), carpa común (*Cyprinus carpio*) y trucha arcoíris (*Oncorhynchus mykiss*). Se probaron diez modelos diferentes de predicción genómica, que abarcan la Mejor Predicción Lineal Imparcial Genómica (GBLUP; un método de predicción genómica ampliamente utilizado en el mejoramiento

genético de animales y plantas que estima los valores genéticos mediante una matriz de relaciones genómicas en lugar de una matriz de relaciones basada en el pedigrí), varios enfoques bayesianos (una familia de métodos de modelado estadístico que incorporan conocimientos o creencias previas sobre los parámetros y los actualizan con datos observados, lo que permite un manejo flexible de la incertidumbre, la reducción de variables y la heterogeneidad del efecto marcador) y técnicas de aprendizaje automático.

La precisión de las predicciones varió considerablemente entre especies y modelos, oscilando entre 0,49 y 0,85, y mostró una fuerte correlación positiva con la heredabilidad de los rasgos. Los rasgos con mayor heredabilidad arrojaron consistentemente una precisión de predicción superior: la trucha arcoíris y la carpa común alcanzaron el mayor rendimiento general (0,75-0,83 y 0,73-0,85, respectivamente), mientras que el salmón del Atlántico y la dorada mostraron precisiones menores y más variables (0,49-0,61 y 0,49-0,66).

Ningún modelo individual demostró ser superior en todas las especies y escenarios. Los métodos de aprendizaje automático ofrecieron las mayores precisiones en ciertos casos, pero demostraron una considerable variabilidad específica entre especies; por el contrario, GBLUP proporcionó consistentemente predicciones estables y bien calibradas, caracterizadas por un bajo sesgo.

Además, la selección incremental de características de SNP (polimorfismo de un solo nucleótido, el tipo más común de variación genética en el que un solo nucleótido en una posición específica de la secuencia de ADN difiere entre individuos dentro de una población) mejoró la precisión de la predicción entre un 2,8 y un 4,2 por ciento en tres de las especies, utilizando solo entre el 0,54 y el 9,64 por ciento del total de marcadores disponibles. Los resultados del estudio no reportaron dicha ganancia para un rasgo de baja heredabilidad.

En conjunto, estos hallazgos demuestran que el rendimiento de la predicción genómica depende en gran medida del contexto, lo que resalta la necesidad crucial de considerar simultáneamente la arquitectura genética del rasgo, las características genéticas poblacionales, la elección del modelo de predicción y la selección estratégica de marcadores al diseñar y optimizar programas de selección genómica en la cría acuícola.

Fig. 4: Gráficos de Análisis de Componentes Principales (ACP) de la variación genética para las cuatro especies: (A) salmón del Atlántico, (B) dorada, (C) carpa común y (D) trucha arcoíris. Los ejes representan los dos primeros componentes principales (ACP1 y ACP2), con el porcentaje de varianza explicada indicado. Adaptado del original.

Relevancia de los hallazgos de la investigación para la industria.

Los programas de mejoramiento acuícola adoptan cada vez más la selección genómica para impulsar las ganancias genéticas (a menudo entre un 15 y un 89 por ciento para el crecimiento, y un porcentaje mayor para la resistencia) en un contexto de presiones de enfermedades, costos de alimentación y objetivos de sostenibilidad. Este punto de referencia unificado llena un vacío crítico en la literatura fragmentada, ofreciendo una guía práctica para la selección de modelos y estrategias de marcadores.

La fiabilidad y el bajo sesgo de GBLUP lo posicionan como una opción segura y predeterminada para la implementación rutinaria, especialmente en entornos de baja heredabilidad o variables (p. ej., enfermedad de las branquias del salmón, pasteurelosis de la dorada). El rendimiento ocasionalmente superior del aprendizaje automático sugiere su valor para capturar no linealidades en caracteres complejos o de alto h^2 (p. ej., crecimiento de la carpa, supervivencia de la trucha), aunque la variabilidad requiere una validación rigurosa para evitar una generalización deficiente o un sobreajuste.

Las mejoras en la selección de características de SNP (hasta un 4,2 por ciento con <10 por ciento de marcadores) son particularmente relevantes para la industria: reducir la densidad de genotipado reduce drásticamente los costos, a la vez que preserva o mejora la precisión, lo cual es vital para el escalamiento comercial en sectores sensibles a los costos o en operaciones más pequeñas. Las

especies con alta heredabilidad para rasgos específicos se benefician más de los modelos avanzados y los paneles optimizados, lo que potencialmente acelera la rentabilidad, la resiliencia a los patógenos y reduce la dependencia de los antibióticos.

Los hallazgos, dependientes del contexto, respaldan la adopción de la selección genómica a medida en las principales especies, lo que fundamenta la inversión en infraestructura de genotipado, herramientas computacionales, capacitación y expansión de poblaciones de referencia. En general, los resultados de este estudio promueven la optimización basada en la evidencia, mejorando la eficiencia en la cría acuícola global.

Perspectivas

Este estudio ofrece una comparación estandarizada entre especies del rendimiento de la predicción genómica en cuatro especies acuícolas clave, evaluando GBLUP, diversos métodos bayesianos y modelos de aprendizaje automático. La precisión de la predicción mostró una variación considerable entre especies y rasgos, impulsada principalmente por la heredabilidad de los rasgos, la estructura genética de la población y el modelo específico empleado. Ningún modelo resultó ser el más eficaz en todas las situaciones.

En ciertos casos, los métodos de aprendizaje automático ofrecieron mayor precisión que los enfoques tradicionales, aunque sus resultados mostraron una variabilidad sustancial según la especie. Por el contrario, GBLUP proporcionó predicciones consistentemente estables y bien calibradas con un sesgo mínimo. Además, la aplicación de la selección incremental de características de SNP mejoró la precisión de la predicción en múltiples especies al filtrar marcadores de bajo valor o ruidosos, con un grado de mejora estrechamente vinculado a la arquitectura genética subyacente del rasgo.

En conjunto, estos hallazgos resaltan las diferencias sustanciales en la efectividad de la predicción genómica entre especies y rasgos, lo que enfatiza la importancia de personalizar la elección de modelos y las estrategias de utilización de marcadores para diferentes contextos de reproducción acuícola.

En general, los autores abogan por iniciativas de evaluación comparativa más amplias y consistentes para establecer directrices fiables para la selección genómica. De cara al futuro, las vías prometedoras incluyen la evaluación de rasgos y especies adicionales (como el camarón y la tilapia), el desarrollo de marcos de predicción multi-rasgos y la combinación de datos genómicos con enfoques de genómica funcional o multi-ómica para comprender mejor los mecanismos biológicos subyacentes.

Author



DARRYL JORY, PH.D.

Editor Emeritus

darryl.jory@globalseafood.org (<mailto:darryl.jory@globalseafood.org>).

Copyright © 2026 Global Seafood Alliance

All rights reserved.