

Resumen de tesis

Con el crecimiento de la industria acuícola, el interés en manipular los microbiomas de los peces para mejorar su salud ha aumentado, ya que estos desempeñan un papel crítico en funciones clave para el hospedador, como la digestión, el metabolismo de nutrientes, la resistencia a enfermedades y la respuesta inmunitaria. Los peces teleósteos poseen comunidades microbianas complejas en todas las superficies mucosas de su cuerpo. La piel, las branquias y el intestino, junto con sus microbiomas asociados, son esenciales para mantener la homeostasis de las barreras mucosas, actuando como intermediarios entre los peces y el ambiente que los rodea, además, están continuamente expuestos a agentes externos que pueden resultar estresantes. La estabilidad y resiliencia microbianas, consideradas características comunes de un microbioma sano, están asociadas con la homeostasis del hospedador. Por lo tanto, los cambios en la composición del microbioma podrían utilizarse para monitorizar cambios en la salud de los peces de cultivo. Actualmente, los avances en las técnicas de secuenciación y las herramientas bioinformáticas han revolucionado la capacidad de clasificar y monitorizar cambios en el microbioma, en donde la secuenciación del gen del ARN ribosómico 16S (rRNA 16S) es el método más utilizado.

Las prácticas acuícolas tienen impacto en el microbioma, ya que factores como la manipulación de los peces, la densidad de cultivo, la concentración de oxígeno, los cambios en la temperatura y las enfermedades infecciosas pueden moldear el microbioma de las mucosas, ya que estas condiciones generan estrés en el hospedador y alteran la estabilidad de sus bacterias asociadas. Por estas razones, el objetivo de esta tesis ha sido caracterizar las comunidades microbianas de las barreras mucosas de peces de cultivo bajo la influencia de factores bióticos y abióticos, buscando definir biomarcadores microbianos que, en combinación con análisis transcriptómicos y metatranscriptómicos, puedan proporcionar información acerca de las interacciones entre el hospedador y el microbioma de la dorada (*Sparus aurata*) y el salmón Atlántico (*Salmo salar*) con el fin de desarrollar soluciones y estrategias para mejorar su salud.