

EL MICROBIOMA DE LA PIEL: UN NUEVO ACTOR POTENCIAL EN LA DOMESTICACIÓN Y BIENESTAR DEL PULPO COMÚN

Costas-Imberón^{1*}, D., Sequeiro¹, T., Costas-Prado¹, C., Touriñan², P., García-Fernández², P., Tur², R., Chavarrías², D., Saura^{1,3}, M. y Rotllant¹, J.

¹Grupo Biotecnología Acuática, IIM-CSIC, Spain. ²PESCANOVA BIOMARINE CENTER, Spain.

³Departamento Mejora Genética Animal, INIA-CSIC, Spain. *dcostas@iim.csic.es

INTRODUCCIÓN

El pulpo común (*O. vulgaris*) es una especie de gran interés para criar a nivel comercial debido a su elevado precio y alta demanda en el mercado mundial. A nivel biológico, es interesante porque tiene un ciclo de vida corto y alta tasa de crecimiento, alta eficiencia alimentaria, alta tasa de reproducción, alto valor nutricional y fácil adaptación al cultivo. Mantener a los animales de granja sanos, libres de enfermedades y libres de estrés es esencial para la producción de alimentos seguros y de alta calidad. En este sentido, el microbioma de la piel podría desempeñar un papel importante en la homeostasis y ser por tanto un indicador apropiado para determinar el bienestar del pulpo de cría. El objetivo principal de este trabajo consistió en caracterizar las comunidades microbianas presentes en la piel del pulpo en individuos salvajes y de acuicultura, con el fin último de determinar si las condiciones de cría en cautividad afectan a dichas comunidades y por tanto al bienestar de los animales.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se tomaron muestras de la mucosa de la piel de 10 pulpos salvajes y 10 pulpos de acuicultura (5ª generación de cría) con hisopos estériles. El ADN microbiano se extrajo mediante un protocolo modificado utilizando el kit MasterPure Complete DNA and RNA Purification (Epicenter) y Pathogen Lysis Tubes (QIAGEN). Se secuenciaron las regiones V3-V4 del gen ribosomal 16S microbiano con la tecnología de Illumina MiSeq. Las secuencias se analizaron identificando Variantes de Secuencia de Amplicón (ASV) con el paquete Dada2 (R-studio) y la plataforma QIIME2 v2022.8 (Bolyen *et al.*, 2019). La diversidad alfa se estimó a través de la riqueza observada y otros índices que ponderan también por la abundancia de especies. La diversidad beta se evaluó mediante análisis de componentes principales (PCA) y PERMANOVA, utilizando diferentes matrices de distancias. El tipo de normalización utilizada incluyó tanto rarefacción como la transformación CLR. Finalmente, se realizó un análisis de abundancia diferencial entre el grupo salvaje y el de acuicultura con el software DESeq2.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los filos más abundantes, independientemente del sistema de producción, fueron Bacteroidetes, y Proteobacteria, seguidos de Verrucomicrobiota y Campylobacteria. Esta composición es coherente con la de estudios previos sobre la piel de peces y otros organismos marinos (Gómez y Primm, 2021). De hecho, Boutin *et al.* (2013) observaron que, en condiciones de estrés, la abundancia de Proteobacteria y Bacteroidetes disminuía considerablemente (25 y 83%, respectivamente) en la piel de las truchas. La diversidad alfa fue significativamente mayor en el grupo salvaje, como era de esperar. No obstante, todos los taxones presentes en el grupo de acuicultura se encontraron también en el grupo salvaje. De los 20 taxones más significativos en el análisis de abundancia diferencial, 15 de ellos fueron significativamente más abundantes en el grupo salvaje y 5 en el grupo de acuicultura. Las muestras salvajes estaban enriquecidas, fundamentalmente, en especies de las clases Flavobacteriia y Gammaproteobacteria, mientras que las de acuicultura, lo estaban en especies de las clases Flavobacteriia, Gammaproteobacteria, Saprospiria y Verrucomicrobiae.

CONCLUSIÓN

La acuicultura no parece tener un impacto significativo en la composición de la principal microbiota asociada a la piel del pulpo común. Los filos Bacteroidetes y Proteobacteria parecen componer la core microbiota de la piel de *O. vulgaris*, no difiriendo su abundancia entre el grupo salvaje y el de acuicultura. Ello parece indicar que las condiciones ambientales estables y controladas, libres de patógenos de las instalaciones de acuicultura, no inducen estrés en los animales y pueden influir positivamente en su salud y bienestar.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Bolyen, E., *et al.* 2019. Nature Biotechnology. 37(8): 852– 857. • Boutin, S., *et al.* 2013. PLoS One. 8(12): 1–16 • Gómez, J.A. y Primm, T.P. 2020. Microbial Ecology. 82: 275–287.

Agradecimientos: Proyecto CDTI. Optimización y bienestar del pulpo común bajo condiciones de cultivo. Reference: IDI-20210907.