

## Evaluación de la variabilidad de la expresión proteica en poblaciones de *Perkinsus Olseni*, protozoo parásito de moluscos marinos, mediante electroforesis bidimensional y espectrometría de masas

Sergio Fernández, Antonio Villalba, Asunción Cao

Centro de Investigacións Mariñas (CIMA), Consellería do Mar, Xunta de Galicia. Apartado 13. 36620. Vilanova de Arousa, Spain

[fernandez.sergio@cimacoron.org](mailto:fernandez.sergio@cimacoron.org)

*Perkinsus olsenii* es un protozoo parásito causante de mortalidad elevada en moluscos marinos de Europa, Asia y Oceanía, ocasionando graves pérdidas económicas. El parásito está incluido en la lista de enfermedades de declaración obligatoria de la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE), lo que conlleva restricciones en el mercado internacional de moluscos. Es importante determinar si existe variabilidad en las poblaciones del parásito, en especial en su virulencia, bien para modificar las restricciones comerciales bien para desarrollar estrategias de lucha contra el parásito.

Se ha estudiado la expresión proteica de *Perkinsus olsenii* en 4 poblaciones de la Península Ibérica mediante electroforesis bidimensional y secuenciación por espectrometría de masas, con el fin de identificar estirpes con diferencias en virulencia. Los parásitos se aislaron a partir de: cuatro almejas, *Ruditapes decussatus*, infectadas de la Ría de Arousa, cuatro de la Ría de Pontevedra, cuatro del Río Carreras (Huelva) y cuatro almejas, *Ruditapes philippinarum*, del Delta del Ebro. Se desarrolló un cultivo clonal *in vitro* a partir de los parásitos aislados de cada almeja (cuatro cultivos por área geográfica).

La expresión de las proteínas celulares del parásito y de las proteínas excretadas al medio de cultivo se comparó entre las cuatro áreas geográficas, mediante separación por 2D-PAGE e implementación del software PD Quest. Tras un primer análisis de las proteínas celulares, se seleccionaron para su secuenciación 35 spots específicos de alguna población y 19 comunes a todas ellas. Con respecto a las proteínas extracelulares, se seleccionaron 23 spots específicos de alguna población y 11 comunes a todas.

De las 88 proteínas seleccionadas se obtuvo secuencia de 38, de las que se identificaron 27. La baja proporción de secuencias de protozoos depositadas en las bases de datos hace que la identificación de las proteínas sea difícil.