

Proteómica para la identificación de biomarcadores en estudios medioambientales

Eduardo Chicano-Gálvez¹, Ricardo Fernández-Cisnal¹, Inmaculada Osuna-Jiménez¹, Amalia Vioque-Fernández¹, Nieves Abril¹, José Alhama¹, José Luis Gómez-Ariza², Juan López-Barea¹ y Carmen Pueyo¹

¹ Dpto Bioquímica y Biología Molecular, U.Córdoba; ² Dpto Química y CC de los Materiales, U Huelva

educhicano@gmail.com

Evaluar el impacto de las actividades antropogénicas en animales de vida libre que habitan en ecosistemas naturales es extraordinariamente complicado debido, entre otros, a los siguientes factores: (i) variedad de sus respuestas a la contaminación; (ii) complejidad de los ecosistemas; y (iii) coexistencia de numerosos tipos de xenobióticos.

La Proteómica permite evaluar de forma global los procesos biológicos afectados por los contaminantes y contribuir al conocimiento de sus mecanismos de acción. Los propios perfiles de expresión proteica constituyen biomarcadores mucho más informativos, específicos y sensibles que los usados convencionalmente para evaluar la calidad ambiental. En el presente estudio hemos usado tecnologías proteómicas de segunda generación para analizar los efectos de la contaminación en el entorno de Parque Nacional de Doñana (Arroyos del Partido PAR, Rocina ROC y Ajolí AJO y arrozales del Matochal MAT), usando el ratón silvestre *Mus spretus* y el cangrejo rojo americano *Procambarus clarkii* como bioindicadores, y el Lucio del Palacio LP como sitio de referencia.

Mediante etiquetado isobárico iTRAQ, que permite analizar hasta 8 muestras de distintas condiciones. Hemos identificado en *M. spretus* ~500 proteínas con diferencias de expresión $\geq 2X$ (sobre/subexpresión) en los 5 sitios estudiados. Con 2D-DIGE hemos detectado en *P. clarkii* 57 proteínas con patrones de expresión modificados en animales de sitios problema. El "proteoma de tioles oxidados" muestra mayores diferencias en cangrejos que en ratones, con el orden relativo: MAT > ROC > PAR ~ LP. El aumento de proteínas sobreoxidadas en cangrejos de los arrozales del Matochal indica que tales animales han sufrido un fuerte estrés oxidativo.

El análisis funcional de las proteínas identificadas en las distintas aproximaciones muestra cambios en proteínas implicadas en el metabolismo, la respuesta inmune y al estrés, las diferentes vías de señalización, el control del ciclo celular y la proliferación (cáncer), y la apoptosis.

Financiación: CICYE, J Andalucía (P08-CVI-03829), y MCIN, PN Cien Tecnol M Amb (CTM2009-12858)