



AquaTIC

ISSN: 1578-4541

igjaugar@upv.es

Universidad de Zaragoza

España

López Sanmartín, Monserrat  
Caracterización molecular de las ostras del litoral atlántico andaluz y sus patologías.  
AquaTIC, núm. 48, 2017, pp. 48-49  
Universidad de Zaragoza  
Zaragoza, España

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=49454648022>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica  
Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal  
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

**RESUMEN DE TESIS DOCTORAL****Caracterización molecular de las ostras del litoral atlántico andaluz y sus patologías.****Montserrat López Sanmartín**Directores:

Dr. José Ignacio Navas Triano

Dr. Roberto de la Herrán Moreno

Defendida el 02/12/2016 en la Universidad de Barcelona.

Realizada en el Centro IFAPA Agua del Pino (Huelva).

Mención internacional, *cum laude*.**Resumen**

En septiembre de 2011, tras el fin a los problemas de contaminación por metales pesados detectados en 1987, se autorizó de nuevo la captura y comercialización de ostreidos del litoral onubense. Después de casi un cuarto de siglo de reposo (24 años), la ostricultura es de nuevo una actividad en auge en el sureste atlántico andaluz, siendo el centro de este trabajo, el estudio de los bancos naturales de ostras de esta región. El seguimiento de las poblaciones ha permitido estimar su estado y evolución, confirmando que las poblaciones sometidas a actividad ostrícola siguen un patrón diferente a aquellas no sometidas a una presión extractiva. Los muestreos realizados antes de la reapertura de comercialización de ostreidos (en el año 2011) y durante su seguimiento (periodo 2012-2013) confirmaron la cohabitación de tres especies de ostras, siendo la más representativa la ostra portuguesa, *Crassostrea angulata* (Lamarck, 1819) (78,9%), seguida de la ostra del pacífico, *Crassostrea gigas* (Thunberg, 1793) (14,2%) y, por último, la ostra enana, *Ostrea stentina* Payraudeau, 1826, (7,1%); no detectándose ejemplares de ostra europea u ostra plana, *Ostrea edulis* (Linnaeus, 1758). Los análisis han permitido, además, evaluar el estado histopatológico de las poblaciones, identificando síntomas, simbiontes y patógenos presentes en los diferentes tejidos de los animales analizados. La única enfermedad de declaración obligatoria, identificada por histología, caracterizada y confirmada por PCR, secuenciación e hibridación in situ fue la presencia del protozoo *Marteilia refringens* en *O. stentina*.

Por otro lado, entre los diferentes patógenos que afectan a ostras, este trabajo se ha centrado en el análisis del virus *Ostreid herpesvirus 1* (OsHV-1), causante de mortalidades masivas, principalmente, en *C. gigas*. Así, se ha identificado y analizado la distribución y variabilidad genética de OsHV-1 y su variante microvar (OsHV-1 $\mu$ Var). Los resultados revelaron que en los primeros muestreos (2011) fue posible detectar OsHV-1 y/o OsHV-1 $\mu$ Var en todas las especies. Sin embargo, en los muestreos posteriores (2012-2013) solo se identificó la variante OsHV-1 $\mu$ Var y, además, se evidenció una tendencia a disminuir su prevalencia, llegando a no detectarse en los últimos muestreos. Los análisis filogenéticos realizados, utilizando dos regiones del DNA del OsHV-1 (región C y región NC), apoyan la hipótesis del origen asiático de la variante OsHV-1 $\mu$ Var presente en Europa. Los genotipos de OsHV-1 $\mu$ Var presentes en el sur atlántico de la Península Ibérica tendrían un origen a partir de un genotipo asiático, introducido a través del cultivo de *C. gigas* procedente de Francia.

Durante el período de estudio sólo se detectó un brote de mortalidad identificado y asociado a OsHV-1 $\mu$ Var en *C. gigas* del litoral atlántico andaluz. Dicho brote permitió estimar su virulencia mediante la realización de infecciones experimentales en *C. gigas*, *O. edulis*, *C. angulata* y *O. stentina*. La técnica de identificación de transcritos mediante hibridación in situ, así como la elevada carga viral cuantificada en los animales moribundos, sugieren que OsHV-1 $\mu$ Var es el causante de las mortalidades observadas en los experimentos con juveniles de *C. gigas* y *O. edulis*.

---

Adicionalmente, este trabajo presenta un método eficaz para la identificación de transcritos de OsHV-1 en animales infectados usando hibridación in situ.

Por último, para estudiar la capacidad de transmisión vertical de *Ostreid herpesvirus 1* (OsHV-1), se generaron 9 familias de hermanos completos a partir del cruzamiento de tres machos y tres hembras de *C. angulata* supervivientes a un brote de mortalidad asociado a OsHV-1 en Portugal. Mediante PCR convencional no fue posible detectar DNA de OsHV-1 en manto, gametos, ni en larvas con 3 días de edad. Sin embargo, mediante la qPCR reveló la presencia de DNA del virus en todos los gametos y larvas. Estos resultados apoyan la hipótesis de transmisión vertical de OsHV-1 en *C. angulata*.

## **Publicaciones de la Tesis**

---

Enlace al documento completo: <https://www.educacion.gob.es/teseo/mostrarRef.do?ref=1338405>