

PEPTIDASAS EN PIROPLASMAS BOVINOS PATÓGENOS: ANÁLISIS GENÓMICO COMPARATIVO ENTRE *Babesia bovis* Y *Theileria annulata*

Mesplet M.¹; Torrá, F.^{1,2}, Florin-Christensen M.^{1,2}; Schnittger L.^{1,2}

¹Laboratorio de Protozoos Patógenos, Instituto de Patobiología, CICVyA, INTA-Castelar, Argentina; ²CONICET, Argentina; e-mail: lschnittger@cnia.inta.gov.ar

Las enzimas proteolíticas de los patógenos Apicomplexa juegan un rol sumamente importante en la invasión, supervivencia y egreso de la célula hospedera. La función vital que cumplen para el ciclo de vida del parásito y su estructura altamente conservada, ha hecho que este tipo de enzimas sean consideradas como interesantes candidatos vacunales o blancos para el desarrollo de nuevos fármacos. Se diseñó un algoritmo para predecir mediante herramientas de bioinformática los repertorios putativos de proteasas en los genomas de dos piroplasmas bovinos patógenos: *B. bovis* y *T. annulata*. Los repertorios de proteasas predichos poseen un tamaño similar para ambos microorganismos, se identificaron 129 proteasas en el genoma de *B. bovis* y 126 en *T. annulata*, de las cuales 66 y 75, respectivamente no habían sido predichas en la anotación de los respectivos genomas. Se analizó la ortología y se determinó que 97 de los genes son ortólogos entre ambos parásitos. Un análisis más detallado reveló que las mayores diferencias se observan en las cisteína peptidasas (*T. annulata* posee 13 proteasas especie específicas y *B. bovis* 1), y en las serina proteasas (*B. bovis* posee 23 proteasas especie específicas y *T. annulata* 9). En *T. annulata* varios genes que codifican para las familias C1 y M48 están organizados en clusters y podrían haberse expandido a través de eventos repetidos de duplicación (o alternativamente haber sufrido deleciones en *B. bovis*), a la inversa de lo que sucede con la familia S54 en *B. bovis*. En varios Apicomplexa se ha descrito que las proteasas participan en la virulencia del parásito, sin embargo en *B. bovis* no se observaron diferencias en la transcripción de las proteasas funcionales entre una cepa patógena y una atenuada, por lo que consideramos que son necesarios más estudios para determinar la importancia de las proteasas en estos patógenos.

Financiado por: CONICET, ANPCyT (PICT 00054), INTA AERG-232152, la Unión Europea (INCO 003691, MEDLABAB) y Wellcome Trust (GRO75800M).

Palabras clave: proteasas, análisis genómico, piroplasmas bovinos.