

## HISTORIA EVOLUTIVA Y FILOGENIA MOLECULAR DEL GÉNERO *BABESIA*

Schnittger L.<sup>1,2</sup>; Rodríguez A<sup>1,2</sup>; Florin-Christensen M<sup>1,2</sup>; Morrison D.A.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Protozoos Patógenos, Instituto de Patobiología, CICVyA, INTA-Castelar, Argentina; <sup>2</sup>CONICET, Argentina; <sup>3</sup>Section for Parasitology, Department of Biochemical Sciences and Veterinary Public Health, Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden; e-mail: [lschnittger@cnia.inta.gov.ar](mailto:lschnittger@cnia.inta.gov.ar)

*Babesia* comprende hemoprotozoos transmitidos por garrapatas que infectan mamíferos y aves y que son reconocidos mundialmente por su impacto en la salud de animales domésticos y sus costos económicos asociados. Además, la babesiosis puede ser fatal en animales silvestres si está asociada con prácticas de manejo estresantes, y es también de creciente interés como zoonosis emergente. Debido a la gran diversidad de hospedadores de *Babesia* hallados, se puede considerar que todos los vertebrados son portadores potenciales, siempre y cuando puedan ser parasitados por las garrapatas vectores. En esta presentación se proveerá una reseña de las especies de *Babesia* más relevantes, y una discusión sobre criterios taxonómicos clásicos. Se describirá un posible panorama de la historia natural de los piroplásmidos, que agrupa a los géneros cercanamente relacionados *Babesia*, *Cytauxzoon* y *Theileria*, y se discutirán sus implicancias para futuras líneas de investigación. Asimismo, se presentará una clasificación molecular revisada de los piroplásmidos, basada en nuevos árboles filogenéticos generados con todas las secuencias disponibles de los genes 18S rRNA y hsp70. Finalmente, para reconciliar las estimaciones existentes para el origen de los piroplásmidos y las garrapatas (~300 millones de años, Ma, respectivamente) y la radiación de los mamíferos (60 Ma), hipotetizamos que el ciclo de vida dixénico de los piroplásmidos evolucionó con el origen de las garrapatas. Así, el salto observado entre el origen de estos artrópodos y la radiación de los mamíferos indica la existencia de linajes de piroplásmidos previamente desconocidos y/o especies en taxones de vertebrados existentes, incluyendo reptiles y quizás también anfibios. Un muestreo más amplio de taxones que incluya todos los potenciales hospedadores, tanto entre los vertebrados como entre las garrapatas, y la construcción de árboles utilizando múltiples genes permitirá perfeccionar la filogenia y taxonomía del género *Babesia*.

Financiado por CONICET, INTA (AESA 203961 and AERG 232152) y la Unión Europea (INCO 245145, PIROVAC).

Palabras clave: *Babesia*, filogenia molecular, evolución