

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

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

¹Laboratorio de Protozoos Pat genos, Instituto de Patobiolog a, CICVyA, INTA-Castelar, Argentina; ²CONICET, Argentina; e-mail: lschnittger@cnia.inta.gov.ar

Las enzimas proteol ticas de los pat genos Apicomplexa juegan un rol sumamente importante en la invasi n, supervivencia y egreso de la c lula hospedera. La funci n vital que cumplen para el ciclo de vida del par sito 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 f rmacos. Se dise n  un algoritmo para predecir mediante herramientas de bioinform tica los repertorios putativos de proteasas en los genomas de dos piroplasmas bovinos pat genos: *B. bovis* y *T. annulata*. Los repertorios de proteasas predichos poseen un tama o 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 hab an sido predichas en la anotaci n de los respectivos genomas. Se analiz  la ortolog a y se determin  que 97 de los genes son ort logos entre ambos par sitos. Un an lisis m s detallado revel  que las mayores diferencias se observan en las ciste na peptidasas (*T. annulata* posee 13 proteasas especie espec ficas y *B. bovis* 1), y en las serina proteasas (*B. bovis* posee 23 proteasas especie espec ficas y *T. annulata* 9). En *T. annulata* varios genes que codifican para las familias C1 y M48 est n organizados en clusters y podr an haberse expandido a trav s de eventos repetidos de duplicaci n (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 par sito, sin embargo en *B. bovis* no se observaron diferencias en la transcripci n de las proteasas funcionales entre una cepa pat gena y una atenuada, por lo que consideramos que son necesarios m s estudios para determinar la importancia de las proteasas en estos pat genos.

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

Palabras clave: proteasas, an lisis gen mico, piroplasmas bovinos.