

IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE MICRO Y MINISATÉLITES EN EL GENOMA DE *Babesia bovis* (APICOMPLEXA) Y SU APLICACIÓN EN LA TIPIFICACIÓN MOLECULAR

Flores D.A.¹; Florin-Christensen M.^{1,2}, Pacheco M.A.³, Petterson M.³, Schnittger L.^{1,2}

¹Instituto de Patobiología, CICVyA, INTA-Castelar, Argentina; ²CONICET, Argentina; ³Instituto de Genética, CICVyA, INTA Castelar, Argentina; e-mail: lschnittger@cni.inta.gov.ar

Babesia bovis es un protozoo hemoparásito del phylum Apicomplexa, transmitido por garrapatas. Infecta a los bovinos, produciendo una enfermedad conocida como babesiosis bovina, la cual ocasiona grandes pérdidas económicas en las regiones tropicales y subtropicales de Argentina y del resto del mundo. Se puede pronosticar que los parámetros de una población de *B. bovis*, tales como la diversidad genética, su dinámica y estructura tienen un gran impacto en la respuesta a la vacunación, el desarrollo de resistencias, la epidemiología, y patología. Un sistema de tipificación multilocus basado en micro y minisatélites (Simple Tandem Repeats o STRs) permite determinar estos parámetros, y además estimar y comparar eventos de recombinación a lo largo del genoma. Por tanto un importante objetivo de este trabajo fue desarrollar un sistema de STRs que permitiera tipificar aislamientos geográficos de *B. bovis*, y determinar si su población está estructurada. Los STRs son secuencias repetitivas en tándem que difieren en el tamaño de su unidad repetitiva (microsatélites=2-5 pb, y minisatélites=6-100 pb). Resultan útiles como marcadores moleculares debido a su alta tasa de polimorfismo, a que se amplifican fácilmente por PCR, y a que se pueden distinguir los alelos por su polimorfismo de tamaño. A modo de ejemplo usando herramientas de bioinformática a libre disposición, vamos a demostrar como se identifica y estudia la distribución y frecuencia de STRs en el genoma, la selección de STRs como marcadores útiles, y el diseño de primers para su amplificación. Finalmente describiremos la aplicación del sistema multilocus desarrollado a la tipificación de 18 aislamientos geográficos provenientes de distintas regiones de América de Sur y el mundo. Nuestros resultados sugieren fuertemente que desde un punto de vista global la población de *B. bovis* es estructurada, es decir que existe una correlación entre las distancias geográficas y genética de los aislamientos.

Palabras clave: *Babesia bovis*, STRs, tipificación molecular.

Financiado por CONICET, INTA (AESA-203961) y la Comisión Europea (INCO 245145 PIROVAC)