

# PARASITUS

*Revista de la Sociedad Argentina de Protozoología*



MASCARAS, acuarela de Claudia Nose  
<https://claudianose.wixsite.com/claudia>

# PARASITUS

*Revista de la Sociedad Argentina de Protozoología*

## SECRETARIOS DE REDACCIÓN

Silvia A. Longhi

Juan José Lauthier

## COMITÉ EDITOR

Catalina Alba Soto

María Laura Belaunzarán

Fernanda M. Frank

Karina A. Gómez

Silvia A. Longhi

Valeria Tekiel

## Sede de la Sociedad Argentina de Protozoología

Vuelta de Obligado 2490

C1428ADN – CABA, Argentina

e-mail de contacto: [secretaria-sap@protozoologia.org.ar](mailto:secretaria-sap@protozoologia.org.ar)

# XXXIII REUNIÓN ANUAL DE LA SOCIEDAD ARGENTINA DE PROTOZOLOGÍA

## COMITÉ ORGANIZADOR

Presidente Alejandro Nusblat  
Miembros Gervasio Puca  
Leonardo Alonso  
Juan José Lauthier

## COMITÉ CIENTÍFICO

Presidente Karina Gómez  
Miembros Jacqueline Bua  
Oscar Bottasso  
Cecilia Alvareda  
Soledad Santini  
Silvina Wilkowsky  
Sheila Ons  
Mariana Potenza  
Margarita Bisio

## COMISIÓN DIRECTIVA

Presidente Fernanda Frank  
Vice-Presidente Catalina Alba Soto  
Secretaria María Laura Belaunzarán  
Pro-Secretaria Valeria Tekiel  
Tesorera Silvia Longhi  
Vocales Juan Burgos  
Salomé Vílchez Larrea  
Vocales Suplentes Juan Carlos Ramírez  
Alejandro Nusblat

## AUSPICIOS



## ÍNDICE GENERAL

Programa Científico	1
Conferencias	5
Mesa Redonda 1: Inmunología y Patología	12
Mesa Redonda 2: Epidemiología y Vectores	14
Mesa Redonda 3: Biología Molecular y Celular	16
Mesa Redonda 4: Diagnóstico y Tratamiento	19
Comunicaciones orales (COP)	22
Pósters (P)	35
De Inmunología (I)	36
De Epidemiología y vectores (EV)	43
De Biología parasitaria (BP)	44
De Diagnóstico y tratamiento (DT)	72

partimos de una base de datos de anotación abarcativa para secuencias de diferentes ncRNAs. Posteriormente establecimos la abundancia de los diferentes fragmentos derivados de ncRNAs mediante el re-análisis de datos de Ribo-seq de *T. cruzi* y *T. brucei*. De esta manera, identificamos fragmentos derivados de snoRNAs y snRNAs que mostraron abundancias diferenciales en las transiciones del ciclo celular (G1 vs S/G2) y de la diferenciación (Epimastigota vs Metacíclico) de *T. cruzi*, así como diferentes estadios y condiciones de crecimiento en *T. brucei*. El conjunto de estas observaciones, ponen de manifiesto la presencia y desregulación de fragmentos derivados de snoRNAs y snRNAs, asociados a las fracciones ribosomales/polisomales en los tripanosomátidos.

## BP-048

### Estudio comparativo entre tripanosomátidos revela una organización conservada de la cromatina alrededor del sitio aceptor de *trans-splicing*.

Romina Trinidad Zambrano Siri<sup>1</sup>, Paula Beati<sup>1</sup>, Pablo Smircich<sup>2,3</sup>, Guillermo Daniel Alonso<sup>1,4</sup>, Josefina Ocampo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>INGEBI-CONICET, Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>Departamento de Genómica, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Montevideo, Uruguay. <sup>3</sup>Laboratorio de Interacciones Moleculares, Facultad de Ciencias, Universidad de la República (UdelaR), Montevideo, Uruguay. <sup>4</sup>Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, FCEN-UBA, Buenos Aires, Argentina

*Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma brucei* y *Leishmania major*, comúnmente conocidos como TriTryp, son causantes de enfermedades animales y humanas. Se caracterizan por tener ciclos de vida complejos, alternando entre un hospedador mamífero y un insecto vector. En este trabajo, realizamos un análisis comparativo de la organización de la cromatina en todo el genoma y su potencial impacto en la expresión

génica para los estadios presentes en el vector. Dado que se ha reportado que en los TriTryp los nucleosomas se organizan en torno al sitio aceptor del *trans-splicing* (TAS), realizamos una predicción de los TAS más probables para los tres organismos y los usamos como punto de referencia para analizar la organización global de la cromatina. Corroboramos que *L. major* y *T. cruzi* presentan una menor densidad de nucleosomas en el TAS, en contraposición con *T. brucei* que presenta un leve aumento como se describió previamente. Al analizar los datos de ChIP-seq de la histona H3, comprendimos que la protección del TAS en *T. brucei* se debe a un complejo carente de histonas. Por otra parte, demostramos que la organización de nucleosomas alrededor del TAS no es solo un promedio, ya que se conserva el mismo patrón en la mayor parte del genoma y mediante un análisis hebra-específico notamos que la menor densidad de nucleosomas no está exactamente en el TAS, sino unos pocos pares de bases río arriba. Además, buscamos grupos de genes mediante *k-means* usando como variables predictoras los valores de densidad de nucleosomas y ARNm respecto al TAS. Observamos una distribución homogénea de la densidad promedio de nucleosomas en los tres organismos, excepto un subconjunto de genes con una densidad inusualmente alta en *T. cruzi*. A partir del análisis de RNA-seq, obtuvimos grupos de genes bien definidos para los tres organismos respaldados por altos valores de *silhouette*. Estamos realizando análisis de ontología y de vías metabólicas de esos genes con características distintivas.

## BP-049

### IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE FAMILIAS MULTIGÉNICAS IN SILICO EN *Toxoplasma gondii* Y *Neospora caninum*.

Joaquín Pereira<sup>1</sup>, Luisa Berná<sup>2</sup>