



# XI Congreso SAP

*Diseño gráfico: Claudia Nose*



16 al 18 de marzo de 2022  
Mendoza - Argentina

## Sociedad Argentina de Protozoología

Claudia Nose  
<https://claudianose.wixsite.com/claudia>



### COMITÉ ORGANIZADOR

Presidente	Patricia Romano
Secretaria	Silvia Longhi
Miembros	Patricia Barrera Juan Cueto Florencia Quevedo Cynthia Rivero Nebaí Salassa Cristina Vanrell

### COMITÉ CIENTÍFICO

Presidente	Julia Cricco
Miembros	Victoria Alonso Verónica Cóceres Pamela Cribb Natalia de Miguel Martin Edreira Sheila Ons Esteban Serra Valeria Tekiel Paola Zago

### COMISIÓN DIRECTIVA

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

**BP036****Características únicas de los subtelómeros de *Toxoplasma gondii*.****Contreras S<sup>1</sup>, Ocampo J<sup>2</sup>, Rivera M<sup>1</sup>, Cristaldi C<sup>1</sup>, Kamenetzky L<sup>3</sup>, Clemente M<sup>1</sup>, Vanagas L<sup>1</sup>, Angel S<sup>1</sup>**<sup>1</sup>INTECH, Chascomus, Argentina. <sup>2</sup>INGEBI, CABA, Argentina. <sup>3</sup>iB3, FBMC, UBA, CABA, Argentina**Resumen**

Los subtelómeros (ST) son regiones cromosómicas que separan los telómeros de la eucromatina y desempeñan varias funciones biológicas. En este estudio se identificaron y caracterizaron los ST de los 13 cromosomas de *Toxoplasma gondii*. Estos se definieron en los extremos cromosómicos en función de una baja densidad génica, enriquecimiento de H2A.X, H3K9me3 y H3.3 y la presencia de ADN satélital (mayoritariamente sat350), con longitudes desde 7,8 a 232,4 Kpb. La cromatina subtelomérica presentó marcadores H2A.Z/H2B.Z/H3K4me3 en los promotores activos, pero también se detectaron picos de H3K4me3 en los telómeros. En los promotores inactivos se observó un enriquecimiento de H3.3/H2A.X/H3K9me3. Se detectó lncARN TERRA en el brazo izquierdo del telómero VIIb. Se identificaron 13 genes funcionales anotados y 57 con función desconocida, ambos casos como genes de copia única con evidencias de transcripción de 92,3 y 42,1 respectivamente. Los ST también se encontraron asociados a las familias multigénicas FamB y FamC. Se detectaron ortólogos en *Neospora caninum* y *Hammondia hammondi*, aunque en *T. gondii* hubo una expansión genética, en el caso de FamC asociada a un fragmento de ADN de 15 Kpb. FamB y FamC presentan una estructura génica similar (2 exones), codificarían proteínas integrales de membrana con regiones conservadas y variables y en algunos casos con motivos repetidos. Todos los genes FamC mostraron evidencia de transcripción por RT-PCR. La proteína rTgC8 (FamC) se detectó en el lisado de *T. gondii* como una banda de 49 KDa con localización en la región apical. rTgC8 y rTgC6 reaccionaron débilmente con sueros de ratones y de individuos infectados. En conclusión, se identificó y caracterizó la estructura, cromatina, expresión génica y de lncRNA de los ST de *T. gondii* y la existencia de dos familias multigénicas que remiten a lo observado en *Plasmodium* o *Trypanosoma*. Sin embargo, el rol de las proteínas FamB y FamC de *T. gondii* requieren futuros estudios.

**Tipo de Presentación**

Póster.