

# Libro de resúmenes

## Sociedad Argentina de Protozoología

### Autoridades

**Presidente:** Dr. Alejandro G. Schijman

**Vicepresidente:** Dra. Silvina Wilkowsky

**Secretaria:** Dra. Gabriela A. García

**Prosecretaria:** Dra. Karina A. Gómez

**Tesorero:** Dr. Guillermo Daniel Alonso

**Protesorero:** Dra. Silvia Fernández Villamil

**Vocales Titulares:** Dra. Silvia Longhi y Dr. Claudio Pereira

**Vocal suplente:** Dr. Juan Mucci y Dra. Alejandra Schoijet



UNIVERSIDAD NACIONAL  
DEL LITORAL  
SANTA FE ARGENTINA



## **XXVIII Reunión Anual de la Sociedad Argentina de Protozoología y Enfermedades Parasitarias**

### **SIMPOSIO Internacional de Biología Celular y Molecular de la Enfermedad de Chagas**

Noviembre 26, 27 y 28 de 2016 - Hotel UNL-ATE – Ciudad de Santa Fe

#### **Comité Científico:**

Pte. Dr. Sergio Guerrero

**Colaboradores:** Dr. Oscar Botasso, Dra. Ana Rosa Perez, Dr. Iván Marcipar, Dr. Diego Arias, Dr. Ivan Bontempi, Dra. Luz Rodeles, Dr Miguel Vicco

#### **Comité Organizador:**

Pte. Dr. Ivan Marcipar

**Colaboradores:** Dr. Iván Bontempi, Dr. Sergio González, Dr. Sergio Guerrero, Dr. Gabriel Cabrera, Dra. Diana Fabbro, Dr. Diego Mendicino.

confocal, se observó co-localización de las proteínas ToIT y KMP-11 con Rab11-GFP durante su transporte hacia la membrana plasmática. Sumado a esto, se detectó asociación de la KMP-11 con calreticulina (marcador de retículo endoplásmico). Por otro lado, la Calpaína-like fue detectada en vesículas direccionadas hacia la zona flagelar sin observarse una co-localización evidente con la VC. Por ende, estos resultados dan indicios de que la VC participa en el tráfico de proteínas que entran en la vía secretoria clásica (RE-Golgi).

#### **47 - ANÁLISIS DE MUTACIONES DE TIPO Kdr EN TRIATOMA INFESTANS (REDUVIIDAE: TRIATOMINAE) RESISTENTES A DELTAMETRINA DEL GRAN CHACO ARGENTINO**

*Georgina Fronza*<sup>(1)</sup>, *Gonzalo Roca Acevedo*<sup>(2)</sup>, *Gastón A Mougabure Cueto*<sup>(3)</sup>, *María I Picollo*<sup>(4)</sup>, *Ariel C Toloza*<sup>(5)</sup>

<sup>(1)(2)(4)(5)</sup> *Centro de Investigaciones de Plagas e Insecticidas, CONICET-UNIDEF.* <sup>(3)</sup> *Centro de Referencia de Vectores (CeReVe) DETV-MSAL.*

*E-mail: georginafronza@gmail.com*

En Argentina, la Enfermedad de Chagas afecta a más de un millón y medio de personas. Su prevención se basa principalmente en el control del insecto vector mediante el uso de insecticidas piretroides como la deltametrina. La presencia de fenotipos resistentes a estos insecticidas representa un obstáculo en el control de la vinchuca *Triatoma infestans* (Klug, 1834), principal vector en nuestro país. Desde los 90s, se han detectado en diversas regiones del Gran Chaco poblaciones con diferentes niveles de resistencia, los cuales estaban asociados a fallas de control de campo. Estos altos niveles podrían deberse a alteraciones en el canal de sodio dependiente de voltaje. Recientemente fueron descritas dos mutaciones puntuales en el gen de dicho canal (L1014F y L925I) en poblaciones resistentes provenientes de las provincias de Salta y Chaco. Nuestros estudios previos detectaron un foco resistente complejo en el Departamento de General Güemes, Chaco. Se estableció una alta heterogeneidad toxicológica posiblemente asociada a diferentes mecanismos

involucrados en la promoción de fenotipos con grados de resistencia muy variables, algunos de ellos con los niveles más altos hallados hasta el momento. El objetivo de este trabajo fue analizar la presencia y frecuencia de las dos mutaciones tipo Kdr en poblaciones del foco resistente. Las poblaciones utilizadas fueron: Bella Vista (susceptible de referencia), El Maulle (baja resistencia, GR 4,72 (2,11-10,63) y La Rinconada (alta resistencia, GR >1.000). Se realizaron ensayos específicos para *T. infestans* basados en sucesivas PCRs. Se determinó la presencia de los alelos resistentes al correr el producto de PCR y detectar diferencias en el tamaño de las bandas amplificadas en el caso de la L1014F o digeridas en el caso de la L925I. Los primeros resultados permitieron ver que las mutaciones puntuales no están presentes en las poblaciones susceptible y de baja resistencia. En la de alta resistencia, se detectó la presencia de la mutación L925I manifestándose en homocigosis en alta frecuencia, pero no de la L1014F. Se discute la importancia de incorporar protocolos de biología molecular para el análisis del problema complejo de la resistencia a insecticidas, como herramienta que contribuya a mejorar el control de la parasitosis con mayor incidencia en América del Sur.

#### **48 - AURORA QUINASAS DE *Trypanosoma cruzi*: ESTUDIO DE SUMOILACIÓN UTILIZANDO EL SISTEMA ENZIMÁTICO DE T. BRUCEI EXPRESADO EN E. COLI**

*Nadia M Barrera*<sup>(1)</sup>, *María J Figueras Lopez*<sup>(2)</sup>, *Matías Fassolari*<sup>(3)</sup>, *Paula Iribarren*<sup>(4)</sup>, *Vanina E Alvarez*<sup>(5)</sup>, *Guillermo D Alonso*<sup>(6)</sup>

<sup>(1)(2)(3)(6)</sup> *INGEBI.* <sup>(4)(5)</sup> *IIB-UNSAM.*  
*galonso@dna.uba.ar*

Las proteínas de la familia Aurora quinasa son un grupo de quinastas de serina/treonina con implicancia en el proceso de división celular, destacándose en la maduración y división del centrosoma, condensación de la cromatina, ensamblado del huso mitótico, corrección de errores en la unión de los microtúbulos al cinetocoro e iniciación de la citocinesis. Previamente en nuestro laboratorio se detectaron y caracterizaron parcialmente tres Aurora

quinasas presentes en *T. cruzi*: TcAUK1, TcAUK2 y TcAUK3. Al ser proteínas reguladoras del ciclo celular, sus niveles de expresión están sujetos a modificaciones post-transcripcionales y post-traduccionales que garantizan una fina regulación. Mediante análisis por western blot, de extractos proteicos de *T. cruzi* en sus tres estadios (epimastigote, amastigote y tripomastigote), hemos observado que los pesos moleculares obtenidos difieren de los teóricos, presentando en algunos casos doble banda. Para evaluar si estas proteínas podrían ser blanco de SUMOilación, inicialmente evaluamos la presencia de sitios consenso para esta modificación mediante análisis con el software (SUMOPlot™ Analysis Program), encontrando un posible motivo conservado en TcAUK1, tres en TcAUK2 y dos en TcAUK3, todos ellos con alto "score". Es interesante destacar que en todos los casos se observó que uno de los sitios de SUMOilación se ubicaba en el sitio activo de la enzima. Esta modificación, exclusiva de organismos eucariotas, provoca cambios en la localización subcelular, en la estabilidad y actividad de las proteínas, modificación en las interacciones entre proteínas y se encuentran relacionadas a la regulación de la transcripción y a la degradación de proteínas. Para avanzar con este estudio, en colaboración con la Dra. Vanina Alvarez (Universidad de San Martín) transformamos las distintas Aurora quinasas, en un sistema de SUMOilación in vivo generado en bacterias que expresan la maquinaria enzimática de *T. brucei*. Luego de inducir la expresión de las distintas proteínas, se prepararon extractos proteicos que fueron luego analizados por western blot.

#### **49 - CARACTERIZACIÓN FUNCIONAL DE UNA GLUTARREDOXINA MONOTIÓLICA DE *Trypanosoma cruzi***

Natalia Sasoni<sup>(1)</sup>, Vanina E Márquez<sup>(2)</sup>, Alberto A Iglesias<sup>(3)</sup>, Sergio A Guerrero<sup>(4)</sup>, Diego G Arias<sup>(5)</sup>

<sup>(1)(3)(4)(5)</sup>Laboratorio de Enzimología Molecular – IAL – CONICET- UNL – Santa Fe.

<sup>(2)</sup>Laboratorio de Fermentaciones – FBCB – UNL – Santa Fe.

E-mail: [darias@fbc.unl.edu.ar](mailto:darias@fbc.unl.edu.ar)

Las glutarredoxinas (Grx) son pequeñas proteínas vinculadas al metabolismo redox y a la homeostasis del hierro intracelular. *Trypanosoma cruzi* es el parásito protozoario que causa la enfermedad de Chagas. En este trabajo, se presentan las propiedades funcionales y estructurales de una Grx monotiólica de *T. cruzi*. La proteína recombinante fue capaz de catalizar la reducción in vitro de GSSG usando T(SH)<sub>2</sub> como donante de electrones. Por otra parte, se observó que la proteína recombinante fue capaz de coordinar clúster de hierro-azufre (ISC) mediante un ensayo de reconstitución in vitro. Los espectros de absorción resultantes revelaron dos picos característicos de complejos de Grx-ISC. Además, el perfil obtenido mediante cromatografía de filtración por geles indicó que el complejo de Grx-ISC está formado por una especie dimérica de Grx. Por otra parte, se empleó un ensayo de complementación funcional basado en el rescate de fenotipos de levaduras mutantes para Grxs. Los experimentos de complementación demostraron que el fenotipo de las mutantes de delección en *grx5* y *grx4* pudieron ser rescatados por complementación con la Grx heteróloga, suprimiendo parcialmente la sensibilidad de las células a oxidantes exógenos. Estos resultados sugieren que la Grx en estudio puede tener funciones importantes en el metabolismo redox y en la biogénesis de ISC en *T. cruzi*. Financiado por: ANCYT (PICT2013-0253, PICT2014-2103 y PICT2014-3256).

#### **50 - CLONACIÓN Y SOBREEXPRESIÓN DE LAS PROHIBITINAS 1 Y 2 DE *Trypanosoma cruzi***

Ana Karina Ibarrola Vannucci<sup>(1)</sup>, Susana Vilchez Tornero<sup>(2)</sup>, María de los Ángeles Curto<sup>(3)</sup>, Alejandro Gabriel Schijman<sup>(4)</sup>, Antonio Osuna Carrillo de Albornoz<sup>(5)</sup>

<sup>(1)(2)(5)</sup>Instituto de Biotecnología. Universidad de Granada. España. <sup>(3)(4)</sup>Laboratorio de Biología Molecular de la Enfermedad de Chagas, INGEBI.

E-mail: [ana\\_karinai@hotmail.com](mailto:ana_karinai@hotmail.com)

Las prohibitinas (PHB) 1 y 2 son proteínas conservadas, pertenecientes a la superfamilia SPFH (Stomatins, Prohibitins, Flotillins, HflK/C),