

de Cr. La eficiencia de remoción fue rápida, decreciendo con el incremento en la concentración de metal y aumentando con el tiempo de exposición. *C. vulgaris* mostró ser eficiente para disminuir concentraciones de metales pesados y plaguicidas desde el orden de ppm al de ppb a partir de soluciones acuosas y de efluentes de curtiembres, por lo que se recomienda en tratamientos de aguas residuales para pruebas a mayor escala.

Además de evaluar la eficiencia de remoción, en el presente trabajo se analizó el efecto inhibitorio de los metales Cu, Cr, Pb y de los plaguicidas, glifosato (Gly), atrazina (Atr) y endosulfán (End) sobre el crecimiento poblacional de *C. vulgaris*, quien demostró sensibilidad a bajas concentraciones de Cu, Cr, Atr y End pudiendo ser utilizada en monitoreo biológico para evaluar esos contaminantes en agua.

Esta tesis brinda información sobre las características que determinan la calidad del agua y los sedimentos de arroyos no estudiados hasta el presente en la Provincia de Santa Fe y el efecto de distintos xenobióticos en campo y laboratorio sobre el plancton. Esta información puede ser considerada para rever los niveles guías establecidos a nivel nacional e internacional para la protección de la biota acuática y la posibilidad de considerar a especies representativas del Litoral Fluvial Argentino como organismos test en pruebas de toxicidad. Finalmente, en vistas a la aplicación biotecnológica de *C. vulgaris* como herramienta de remediación ambiental, se propone a esta especie para disminuir concentraciones de Cu, Pb, Cr y End de soluciones acuosas y

de efluentes industriales, por lo que se recomienda en tratamientos de aguas residuales aumentando la escala de análisis.

Effect of heavy metals and pesticides on planktonic organisms of different trophic levels and accumulation efficiency by microalgae

Summary

In this thesis we assessed the contamination by heavy metals and pesticides in inland aquatic ecosystems on planktonic organisms of different trophic-levels: primary-producers and consumers, as well as the efficiency of accumulation of these pollutants by microalgae at a laboratory scale.

Relevant information about the main characteristics involved in the quality of water and sediments of streams of the Santa Fe Province not studied at presents, and the effects of different xenobiotics on the plankton community at laboratory and field scales are tested. This knowledge can be considered in order to review the established national and international guiding levels for the protection of the aquatic biota. Moreover, we consider some species representatives of the Argentinian Littoral Fluvial as organisms suitable for toxicity tests. Finally, in order to consider possible biotechnological applications using *C. vulgaris* as a tool for environmental remediation, we propose this species for diminishing Copper, Lead, Chromium and Endosulfan concentrations from aqueous solutions and industrial effluents, so it is recommended to be used for treatments of wastewaters at higher scales.

Estudio de la diversidad genética en poblaciones de *Babesia bigemina* de diferentes regiones geográficas

Carolina S. Thompson

thompson.carolina@inta.gob.ar

Dr. Atilio J. Mangold

Instituto de Tecnología Agropecuaria INTA,
EEA-Rafaela

Laboratorio de Inmunología y Parasitología
Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas
Universidad Nacional del Litoral

Fecha de la defensa: 10/05/2013

Resumen

La babesiosis bovina es una enfermedad enzoótica causada por protozoarios Apicomplexa del género *Babesia* transmitidos por diferentes especies de garrapatas. En Argentina, esta enfermedad es provocada por *B. bovis* y *B. bigemina*, ambas transmitidas por la garrapata de los bovinos *Rhipicephalus microplus*. La babesiosis genera importantes pérdidas económicas a la producción bovina por provocar pérdidas de peso, abortos, costos de tratamiento y frecuentemente la muerte. La caracterización molecular de aislamientos de *B. bigemina* es fundamental para realizar estudios epidemiológicos, desarrollar pruebas para diagnóstico y sintetizar nuevas vacunas. En este trabajo se seleccionaron clones biológicos a partir de una cepa patógena y una cepa atenuada de *B. bigemina*, ambas adaptadas a la multiplicación continua *in vitro*, utilizando diluciones límite. Estos clones fueron útiles para establecer la constitución genética de aislamientos y cepas de referencia, comparar clones con diferente fenotipo de virulencia, evaluar distintos marcadores moleculares, y caracterizar aisla-

mientos silvestres. Se trabajó con 7 clones biológicos terciarios derivados de la cepa patógena BbiS2P-i y 5 de la cepa atenuada BbiS1A-i. El estatus de virulencia de los clones se evaluó *in vitro* e *in vivo*. Se compararon mediante HRM y/o secuenciación los genes *18S rARN*, *rap-1c* y *gp45* y las regiones intergénicas *ITS* y diferentes secuencias repetitivas en clones y cepas silvestres.

Los clones no mostraron diferencias genéticas con sus parentales, pero sí una reducción de haplotipos con respecto a las cepas originales mantenidas *in vivo*. Las regiones polimórficas de los marcadores moleculares permitieron diferenciar las cepas de diferentes regiones geográficas. Las mutaciones observadas en el gen *18S rARN* se ubicaron en su mayoría en la región hipervariable de la hélice E23-1, mientras que la zona polimórfica del gen *rap-1c* se ubicó en el extremo 3'. El gen *gp45* no pudo utilizarse debido a la falta de detección en una cepa y las regiones *ITS* mostraron elevado polimorfismo. Sólo 3 ms y 1 MS permitieron diferenciar clones con diferentes genotipos y fenotipos. Estos marcadores también permitieron agrupar clones y cepas por su fenotipo de virulencia. El análisis simultáneo de las secuencias de los genes *18S rARN* y *rap-1c* de los clones biológicos, confirmó que solo ciertas subpoblaciones de *Babesia* prevalecen durante la adaptación *in vitro*, lo que generó una reducción del número de haplotipos. En conclusión, los clones y los marcadores moleculares seleccionados permitieron establecer la diversidad existente entre cepas obtenidas de diferentes regiones de

Argentina y las diferencias relevantes con las cepas de Australia e Israel. Este trabajo establece la base para definir la importancia de la patogenia de *B. bigemina* en infecciones naturales. Deberán evaluarse nuevos marcadores moleculares para el estudio de los aislamientos de casos naturales que ocurren en diferentes regiones enzoóticas.

Study of the genetic diversity in Babesia bigemina populations from different geographic regions

Summary

Bovine babesiosis is an enzootic disease caused by Apicomplexa protozoa from *Babesia* genus. In Argentina, the etiological agents are *Babesia bovis* and *Babesia bigemina*, both transmitted by *Rhipicephalus microplus*. Studying the biology and the intraespecific genetic variations of *B. bigemina* from Argentinean and other region strains has become an easy task after the development of continuous *in vitro* multiplication for these parasites. The studies were based on the use of strains and clones which

patogenicity level was established *in vivo*. Clones were obtained by the limiting dilution technique and showed similar *in vitro* multiplication efficiency and the same phenotype as their parental strains. 18S rRNA, rap1c, gp45, ITS genes and repeat sequences were compared. The 18S rRNA gene allowed strains differentiation by using punctual mutations visualized in the secondary structure of E23–1 helix. Individually, rap–1c gene was used to identify strains associated to patogenicity, confirmed with HRM technique. Differences existing between not geographically related strains were identified by using 18S rRNA and repeat sequences. Finally, the population selection after the strains adaptation to the *in vitro* growth was confirmed through the simultaneous analysis of 18S rRNA and rap1c sequences from clones. As a conclusion, clones and molecular markers selected allowed to establish the diversity among different Argentinean regions and among these and foreign strains. Differences between the virulence of the strains helped us to gain knowledge of the patogenicity from *B. bigemina* natural isolates.

Estudios funcionales de factores de transcripción vegetales de la familia TCP. Análisis de su participación en la regulación del crecimiento y la proliferación celular, y en la coordinación de la biogénesis mitocondrial

Nora Graciela Uberti Manassero

norauberti@yahoo.com.ar

Dr. Daniel H. González

Laboratorio de Biología Celular y Molecular. Instituto de Agrobiotecnología del Litoral (IAL)–UNL–CONICET

Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas

Universidad Nacional del Litoral

Fecha de la defensa: 26/03/2013

Resumen

Las proteínas de la familia TCP son factores de transcripción específicos de plantas. El dominio TCP está involucrado en el