

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

reconocimiento de secuencias específicas de ADN y en base a la secuencia existente dentro del dominio TCP, estas proteínas han sido divididas en 2 clases, denominadas I y II. Una de las hipótesis más aceptadas propone que las proteínas de la clase I estimularían la proliferación celular en determinadas regiones del meristema o primordio y, subsecuentemente, las proteínas de la clase II reprimirían estos procesos a medida que las células van saliendo de la zona de proliferación y determinando tejidos y órganos.

Dado el escaso conocimiento existente sobre las proteínas TCP de clase I, el objetivo general de esta tesis fue realizar un estudio funcional de ciertos miembros de esta subfamilia de factores de transcripción, a fin de revelar su participación en la regulación del desarrollo vegetal.

En base al objetivo planteado, los resultados obtenidos han permitido echar luz sobre la función de las proteínas TCP de clase I:

AtTCP11 se expresa de manera ubicua en los diferentes estadios de la planta. La expresión de la forma represora dominante AtTCP11-EAR provoca alteraciones en la morfología de las hojas, en la elongación de tallos, pedúnculos y peciolo y en el desarrollo de los granos de polen. El hecho de que las anomalías morfológicas ocurran en los mismos órganos donde se detecta la expresión del gen es un indicio de que su función está asociada a estos órganos, posiblemente relacionada con la regulación de la proliferación o la expansión celular.

La expresión de AtTCP16 se detecta en cotiledones, hojas y flores. La expresión de la forma represora de AtTCP16 genera plantas con cotiledones lobulados, hojas redondeadas y flores en las que los verticilos externos no se elongan correctamente. Además, estas plantas desarrollan meristemas ectópicos sobre la cara adaxial de

los cotiledones, los cuales expresan genes específicos de meristemas y son capaces de desarrollar hojas, flores, vainas y semillas. El grado de desarrollo de estos meristemas ectópicos disminuye cuando AtTCP16-EAR se expresa en plantas en las que la función de la proteína STM está alterada, lo cual indica que esta proteína es necesaria, al menos parcialmente, para la formación de los meristemas ectópicos.

AtTCP15 se expresa en hojas jóvenes, en el gineceo y los filamentos de anteras, y posteriormente en las vainas. La expresión de la forma nativa y de la forma represora de AtTCP15 genera fenotipos opuestos y complementarios, sugiriendo que esta TCP es una proteína activadora de la transcripción. El estudio de los fenotipos observados nos llevó investigar la expresión de genes también regulados por AtTCP3, una TCP de clase II. Los ensayos realizados nos permiten dilucidar que IAA3/SHY2 y SAUR65, pero no AS1, son regulados por AtTCP15, la cual es capaz de reconocer los elementos *cis* presentes en los promotores de ambos genes. Este resultado evidencia un nuevo punto de solapamiento entre las vías de regulación de proteínas TCP de clase I y II. Por otro lado, AtTCP15 afecta los niveles de la auxina IAA y la expresión del promotor de respuesta a auxinas DR5, quizás en parte debido a que provoca cambios en la expresión de los genes YUC1 y YUC4, los cuales codifican enzimas involucradas en la síntesis de esta hormona. A través de estos cambios, AtTCP15 regularía el máximo de auxinas que provoca la fusión de la región distal de los carpelos y el desarrollo del estilo y las papilas estigmáticas. De la misma manera, AtTCP15 parece regular la elongación de los filamentos de anteras y el desarrollo de la lámina de las hojas, probablemente a través de la regulación directa de genes SAUR.

También observamos que la expresión de AtTCP15 es inducida por citoquininas, y que a su vez AtTCP15 modularía la respuesta a esta hormona controlando la expresión de ARR7 y ARR15. En función de estos resultados, podemos decir que AtTCP15 actúa de manera ubicua en *A. thaliana*, promoviendo el correcto desarrollo de diversos órganos y tejidos, especialmente a través de su participación a distintos niveles en las vías de regulación de auxinas y citoquininas.

En conclusión, los factores de transcripción TCP de clase I estudiados en el presente trabajo están involucrados en un gran número de procesos, especialmente relacionados con el desarrollo de órganos secundarios.

*Functional studies of TCP plant transcription factors. Analysis of their participation in the regulation of cell growth and proliferation, and in the coordination of mitochondrial biogenesis*

### Summary

TCP domain proteins constitute a family of transcription factors found only in plants. Based on features present both within and outside the TCP domain, TCPs are divided

in two classes, named I and II. In this study we analyze AtTCP11, AtTCP15, AtTCP16 and their function in *A. thaliana* development. We found that AtTCP11 seems to control leaf morphogenesis, shoot, petiole and pedicel elongation, and pollen grain development possibly through regulation of cell proliferation or expansion. The results found for AtTCP16 indicates that participates indirectly in the regulation of meristematic genes. Finally, we can say that AtTCP15 acts ubiquitously in *A. thaliana*, promoting the correct development of several organs and tissues, like leaves, carpels and anther filaments, especially by participating in the regulation of auxin biosynthesis and auxin and cytokinin response pathways. In conclusion, the Class I TCP transcription factors studied during the present work are involved in many processes in *A. thaliana*, especially related to secondary organ growth and development. This thesis brings information about the functions of three Class I TCPs, providing new clues to understand the role of these proteins in plant development and establishing a basis for future studies.

---

## Influencia de la actividad de las enzimas nativas de la leche lipoproteína lipasa y plasmina en la lipólisis y la proteólisis de quesos duros de pasta cocida

---

### María Ayelén Vélez

mvelez@fiq.unl.edu.ar

Erica Hynes / Cristina Perotti

Laboratorio, Cátedra y/o Departamento: INLAIN Facultad de Ingeniería Química  
Universidad Nacional del Litoral / CONICET

Fecha de la defensa: 25/03/2013

### Resumen

El objetivo del trabajo de tesis fue identificar cambios tecnológicos que, introducidos en la elaboración tradicional de queso Reggianito, favorecieran la actividad de enzimas nativas de la leche, lipoproteína lipasa y plasmina, en vistas a incrementar la lipóli-