



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

BP061**Estudio comparativo de la organización de la cromatina y su impacto en la expresión génica.****Zambrano Siri R¹, Beati P¹, Smircich P², Alonso GD¹, Ocampo J¹**¹INGEBI, Buenos Aires, Argentina. ²IIBCE, Montevideo, Uruguay**Resumen**

Trypanosoma cruzi, Trypanosoma brucei y Leishmania major, usualmente conocidos como TriTryp, son causantes de enfermedades en animales y humanos. Se caracterizan por tener ciclos de vida complejos, alternando entre un hospedador mamífero y un insecto vector.

En este trabajo, realizamos un estudio comparativo de la organización de la cromatina y su impacto en la expresión génica, de los estadios presentes en el insecto. Para ello, utilizamos datos obtenidos mediante secuenciación profunda (MNase-seq y RNA-seq). En el caso de *T. cruzi*, optimizamos el análisis de la cepa híbrida CL Brener, resaltando la importancia de alinear los datos crudos al genoma completo. Además, comparamos los alineamientos generados por Bowtie2 y Hisat2, encontrando que para análisis globales Bowtie2 es mejor, mientras que Hisat2 es más eficiente en asignar lecturas únicas. Dado que se ha reportado que en los TriTryp los nucleosomas se organizan en torno al sitio de 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. Observamos 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. Analizamos si habría relación con la composición de bases del ADN; pero fue muy similar entre *T. cruzi* y *T. brucei* y observamos mayores diferencias en *L. major*. Por otra parte, buscamos grupos de genes mediante k-means usando como variables predictoras los valores de densidad de nucleosomas y ARNm respecto al TAS. Los valores de silhouette obtenidos para nucleosomas fueron muy bajos, sugiriendo que la organización de la cromatina en torno al TAS es muy similar en todo el genoma. Del análisis de ARNm, obtuvimos un valor de silhouette alto al aplicar k=2 en *T. cruzi* o k=3 en *T. brucei* y *L. major*, indicando que hay dos o tres grupos de genes con patrones de expresión bien diferentes en los TriTryp.

Tipo de Presentación

Póster.