



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

BP060**Búsqueda de posibles factores que interactúen con la cromatina de *Trypanosoma cruzi* y análisis de potenciales SET metiltransferasas.****Carena S, Alonso GD, Ocampo J**

INGEBI, Buenos Aires, Argentina

Resumen

Trypanosoma cruzi, causante de la enfermedad de Chagas, posee un ciclo de vida en el que alterna entre el insecto hematófago *Triatoma infestans* y el mamífero hospedero, exponiéndose a cambios abruptos en su entorno. Para adaptarse, requiere de cambios en la expresión génica, regulando mayormente a nivel post transcripcional. No obstante, parte de la regulación está dada a nivel epigenético, mediante modificaciones post traduccionales (MPTs) de histonas. Dentro de los modificadores se encuentran las metiltransferasas SET -caracterizadas por poseer un dominio conservado formando un pseudoknot- que en *T. cruzi* aún no han sido estudiadas. En este trabajo realizamos una búsqueda de posibles factores que interactúan con la cromatina de *T. cruzi* e iniciamos la caracterización de proteínas con dominio SET. Identificamos 8 TcSets putativas (TcSET10, TcSET16, TcSET17, TcSET20, TcSET23, TcSET25, TcSET26 y TcSET27) de probable localización nuclear y confirmamos la conservación parcial del dominio SET prototipo. Sin embargo, 4 de estas (TcSET16, TcSET25, TcSET26 y TcSET27) carecen de residuos claves para la catálisis. Analizando sus estructuras predichas por AlphaFold, observamos que el pseudoknot está conservado en todas. Comparándolas con las ortólogas en *T. brucei* detectamos: una alta similitud de secuencia para la mayoría de las proteínas, y mediante alineamientos estructurales una semejanza estructural alta, siendo TcSET26 la excepción en ambos casos. Comparando con la estructura de la metiltransferasa humana SET7/9, encontramos que el sitio catalítico está espacialmente bien conservado en TcSET23 y TcSET20. Por otro lado, analizando datos de transcriptómica, observamos variación en los niveles de ARN mensajero de algunas TcSets en distintos estadios, sugiriendo un posible rol diferencial en su ciclo de vida.

Tipo de Presentación

Póster.