

Caracterización de la maquinaria traduccional de *Trypanosoma cruzi* durante la metaciclologénesis y el ciclo celular.

Martín Rivara Espasandín^{1,2}, Santiago Radío³, Santiago Chávez², María Ana Duhagon^{2,4}, Pablo Smircich^{1,4}, José Sotelo-Silveira^{1,5}.

¹ Departamento de Genómica, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, MEC

² Departamento de Genética, Facultad de Medicina, Universidad de la República

³ Institute of Evolutionary Biology (CSIC-Universitat Pompeu Fabra), 08003, Barcelona, Spain

⁴ Sección Genómica Funcional, Facultad de Ciencias, Universidad de la República

⁵ Departamento de Biología Celular y Molecular, Sección Biología Celular, Facultad de Ciencias, Universidad de la República

Trypanosoma cruzi (*T. cruzi*), agente etiológico de la enfermedad de Chagas, regula su expresión génica principalmente mediante mecanismos postranscripcionales. Nuestro grupo observó que la regulación traduccional es un mecanismo importante durante la metaciclologénesis y la transición G1/S del ciclo celular. Recientemente, diferentes enfoques han demostrado que la composición de los ribosomas puede ser variable a nivel proteico, lo que puede llevar a cambios regulatorios. Esta observación, nos llevó a caracterizar en forma detallada la maquinaria traduccional de *T. cruzi* en los estadios del ciclo de vida epimastigota y tripomastigota metacíclico, así como en las fases del ciclo celular G1 y S. Primero, revisamos y pulimos la anotación actual de las proteínas ribosomales (PR), analizando el número de copias, la ubicación en el ribosoma, las extensiones de proteínas en los extremos terminales, los valores de expresión y posibles funciones extra ribosomales. Abordando esta caracterización de forma experimental, observamos a través de Ribo-Seq que existe una represión global de la traducción de los ARNm de PR en el estadio tripomastigota metacíclico, pero también existe variación individual, encontrando algunos ARNm de PR que resisten esa represión. También realizamos una aproximación multi-ómica (RNAseq, Ribo-Seq y espectrometría de masas) en parásitos sincronizados en las fases G1 y S del ciclo celular. Observamos variación individual en los cambios de eficiencia traduccional de los ARNm de PR y también en el nivel de abundancia de algunas PR. Estas observaciones podrían estar en línea con la hipótesis de que la composición de la maquinaria traduccional puede ser variable durante estas transiciones. Para explorar esta hipótesis, realizamos proteómica cuantitativa en fracciones enriquecidas en ribosomas, en parásitos sincronizados en las fases G1 y S del ciclo celular. Observamos diferencias en la abundancia de algunas PR entre fracciones ribosomales de las dos fases del ciclo celular estudiadas, lo que sugiere que pueden existir variaciones en la composición de la maquinaria traduccional.