

## DILUCIDANDO LA ORGANIZACIÓN ESPACIAL DE PROTEÍNAS DE MEMBRANA EN *TRYPANOSOMA CRUZI* MEDIANTE NANOSCOPIA DE FLUORESCENCIA

Escalante Gonzalo<sup>1,2</sup>, Mucci Juan<sup>3</sup>, López Lucía<sup>1</sup>, Parada-Puig Raquel<sup>3</sup>, Campetella Oscar<sup>3</sup>, Stefani Fernando Daniel<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigaciones en Bionanociencias - CONICET

<sup>2</sup> Departamento de Física - FCEN, Universidad de Buenos Aires

<sup>3</sup> Instituto de Investigaciones Biotecnológicas - UNSAM

[gescalante@cibion.conicet.gov.ar](mailto:gescalante@cibion.conicet.gov.ar)

### Introducción

El *Trypanosoma cruzi* (*T. cruzi*) es el parásito responsable de la enfermedad de Chagas. Uno de los principales mecanismos que usa el *T. cruzi* para eludir al sistema inmune de los huéspedes que infecta es la captura de ácido siálico (AS) del caudal sanguíneo. Para ello, el parásito cuenta con una enzima específica, la trans-sialidasa (TS), capaz de transferir AS desde las glicoproteínas del huésped a otras proteínas de membrana del *T. cruzi* llamadas mucinas [1]. Para comprender este mecanismo, resulta fundamental conocer la distribución espacial de mucinas y TS en la membrana, la cual no puede resolverse por microscopía de fluorescencia tradicional.

### Resultados

En este trabajo, caracterizamos la distribución espacial de las dos proteínas mencionadas mediante microscopía de fluorescencia de súper-resolución, empleando la técnica de STORM en 2D y 3D [2]. Se trabajó con parásitos en su forma infectiva, pretratados con AS e inmunomarcados. Se logró visualizar dominios de TS y mucinas con una resolución lateral de 20 nm y axial de 50 nm, aproximadamente (Fig.1). Además, desarrollamos un algoritmo de análisis de clusters basado en la distribución de distancias entre localizaciones para caracterizar los dominios de proteínas.

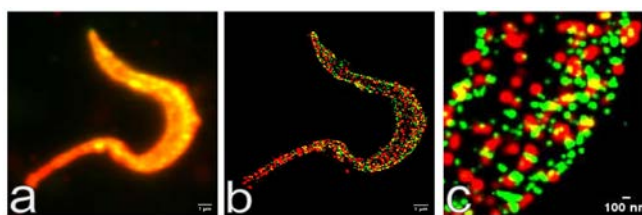


Fig.1 - a) Imagen de *T. Cruzii* limitada por difracción, b,c) Imágenes obtenidas por STORM 2D.

### Conclusiones

Un primer análisis de lo observado indicaría que mucinas y TS se encuentran formando dominios proteicos heterogéneos, segregados en la membrana del parásito. Además se aprecia que los dominios de TS se ubican a distancias más cercanas que una distribución aleatoria.

### Referencias bibliográficas

- 1) Lantos, A. B., *PLOS Pathogens*, **2016**, 12(4), 1-29.
- 2) Lelek, M., *Nat Rev Methods Primers* **1**, **2021**, 39.