**Abstract**

Trypanosomatid species are of special interest due to their implications for public health, veterinary science, and the economy. These species are responsible for various diseases, such as Chagas disease, African Trypanosomiasis, and leishmaniasis, which affect humans. In addition, the disease known as nagana, which primarily infects cattle. Despite their association with diseases in animals and humans, little is known about the function of various molecules present in these parasites, which makes it difficult to understand their biology. Among these molecules is polymerase θ, which is hypothesized to be involved in DNA translesion synthesis processes, a process that allows to bypass DNA lesions, as demonstrated in other eukaryotic organisms. In this study, we present an *in silico* approach to analyze the DNA polymerase θ genome in six trypanosomatid species and compare it with counterparts in *H. sapiens* and *A. thaliana*. Additionally, we included comparisons with prokaryotic organisms, such as *E. coli* and *B. subtilis*, suggesting its potential role in DNA repair processes. Furthermore, we investigated protein-protein interactions in three polymerase systems: TbPolθ-TbPolσ, TcPolθ-TcPolσ, and LmPolθ-LmPolσ. Our findings revealed strong binding free energies of -14.34, -8.01, and -8.97 kcal/mol, respectively. Key interactions forming salt bridges were identified, suggesting their potential structural and regulatory roles in these protein complexes. These results suggest that Polθ could play a role in DNA repair mechanisms and, in addition, could be involved in chromosome maintenance processes, reinforcing its relevance within the biology of trypanosomatid.

**Keywords:**

Trypanosomatids, DNA Polymerase theta, DNA Polymerase sigma, Protein-protein interaction, Translesion synthesis.

**Resumen**

Las especies de tripanosomátidos son de especial interés debido a sus implicaciones en la salud pública, la ciencia veterinaria y la economía. Dichos parásitos son responsables de diversas enfermedades tales como la enfermedad de chagas, tripanosomiasis africana y leishmaniasis que afectan a los humanos. Así como la enfermedad denominada como nagana, la cual infecta principalmente al ganado. A pesar de su asociación, con enfermedades en animales y humanos se conoce poco sobre la función de varias moléculas presentes en los distintos parásitos, lo que dificulta la comprensión de su biología. Entre estos se encuentra la polimerasa θ, la cual se hipotetiza que está involucrada en procesos de síntesis translesion del ADN, proceso que permite superar lesiones del ADN, como se ha demostrado en otros organismos eucariotas. En este estudio, presentamos un enfoque *in silico* para analizar el genoma de la polimerasa θ en seis especies de tripanosomátidos y lo comparamos con sus homólogos en *H. sapiens* y *A. thaliana*. Adicionalmente, comparamos con organismos procariotas, como *E. coli* y *B. subtilis*, sugiriendo su posible rol en procesos de reparación del ADN. Además, investigamos interacciones proteína-proteína en tres sistemas de polimerasas: TbPolθ-TbPolσ, TcPolθ-TcPolσ y LmPolθ-LmPolσ. Nuestros hallazgos revelaron fuertes energías libres de enlace de −14.34, −8.01 y −8.97 kcal/mol, respectivamente. Se identificaron interacciones clave que forman puentes salinos, lo que sugiere posibles roles estructurales y regulatorios de estos complejos proteicos. Estos resultados sugieren que Polθ podría desempeñar un papel en mecanismos de reparación del ADN, además de participar en procesos de mantenimiento de cromosomas, reforzando su relevancia dentro de la biología de los tripanosomátidos.

**Palabras Clave:**

Tripanosomátidos, Polimerasa teta, Polimerasa sigma, Interacción proteína-proteína, Síntesis de translesion.