

## **Análisis de diversidad microbiana en poblaciones de *Aedes aegypti* circulante en comunas de alta incidencia para arbovirosis en el municipio de Ibagué a través de metatranscriptómica.**

Autores:

*Weimar David Briñez Zabaleta*<sup>1</sup>; *Juan David Rojas Gómez*<sup>1</sup>; *Laura Fernanda Santofimio Villa*<sup>1</sup>; *Natalia Barrera Angarita*<sup>1</sup>; *Juan F. Alzate*<sup>2</sup>; *Julio Cesar Carranza Martinez*<sup>1</sup>; *Gustavo Adolfo Vallejo*<sup>1</sup>; *Daniel A. Urrea*<sup>1</sup>

Correo: wdbrinezza@ut.edu.co

Afiliación.<sup>1</sup> Laboratorio de Investigaciones en Parasitología Tropical (LIPT), Universidad del Tolima. <sup>2</sup> Centro Nacional de Secuenciación Genómica, Universidad de Antioquia (CNSG).

Resumen: *Aedes aegypti*, es considerado el principal vector de Arbovirosis de importancia en salud pública. No obstante, estos vectores albergan una gran diversidad de microorganismos, los cuales incluyen en su mayoría bacterias, virus, hongos y parásitos. El estudio de estos microorganismos presente en infecciones naturales en *Aedes aegypti*, cobra importancia debido a la posibilidad latente de estos en interferir con la capacidad vectorial de este artrópodo y la identificación de posibles nuevos virus.

Teniendo en cuenta lo anterior, este trabajo busca analizar la diversidad microbiana en poblaciones de *Aedes aegypti* procedentes de comunas de alta incidencia para arbovirosis del municipio de Ibagué. Lo anterior, con el fin de correlacionar estos resultados con la epidemiología de arbovirosis de importancia en salud pública.

Para cumplir con estos objetivos, se colectaron individuos de *Aedes aegypti* de cuatro comunas de Ibagué, los cuales fueron sexados generando pools de 50 hembras de *aedes aegypti* por comuna y almacenados a -80°C. Posteriormente, se realizó la extracción mecánica de ARN total empleando Trizol (INVITROGEN) y nitrógeno líquido. Luego de la obtención del cDNA, se realizó secuenciamiento RNAseq mediante la plataforma Novaseq 6000 (Illumina) con librerías TruSeq Stranded Total RNA LT Sample Prep Kit (Gold) (Depleción de rRNA). Posteriormente se depuraron los adaptadores y bases de baja calidad (>Q30), además de reads cortos (>70). Seguidamente los metatranscriptomas fueron ensamblados *de novo* mediante el software *Trinity* versión 2.13. Finalmente los contigs obtenidos se compararon utilizando el algoritmo BLASTX contra la base de datos NCBI/nr, para luego procesarlos mediante la herramienta bioinformática MEGAN6 community editions, a través del algoritmo de ancestro común más bajo. Seguidamente, se procesaron con el software estadístico R 4.1.2, para la obtención de las abundancias relativas de los microorganismos por comuna.

La abundancia relativa se midió tomando en cuenta el número de contigs que fueron concordantes con las especies presentes en la base de datos. De manera general, se obtuvieron alrededor de 26.588 contigs asignados para las cuatro comunas, de los cuales el 68,24% pertenecían a bacterias, 21,28% virus y 10,48% a nematodos. Se identificaron para las cuatro comunas entre 302 y 438 especies de bacterias; 47 y 137 especies de virus; además de 18 a 21 especies de nematodos. Se obtuvo para la comuna ocho, 6 contigs pertenecientes a DENV2. Adicionalmente, en las cuatro comunas se identificaron especies virales, que presuntamente pueden interferir en la competencia vectorial de *Aedes aegypti* como el virus *Phasi charoen-like virus*. Otros resultados interesantes son la identificación de virus como *North creek virus* y *Riverside virus 1*, los cuales tienen la capacidad de infectar células de mamíferos in-vitro, siendo organismo de potencial riesgo en salud pública.

