



RiUPTC

Repositorio Institucional
UPTC

repositorio.uptc@uptc.edu.co

XIII ENCUENTRO FACULTAD DE CIENCIAS -UPTC I ENCUENTRO INTERNACIONAL

"La Investigación Básica en el Posconflicto"

3, 4 y 5 de octubre 2018 - Tunja, Colombia

XXII Jornada de la Investigación

1 al 5 de Octubre de 2018

ANÁLISIS DEL VIROMA DE *Aedes aegypti* (Diptera:Culicidae) DE COLOMBIA

Nicolás Forero Pineda^{1*}, Andrés Mauricio Gómez Palacio^{**}

¹Grupo de Investigación en Ciencias Biomédicas, Escuela de Ciencias Biológicas, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia *nicolas.forero@uptc.edu.co, **andres.gomez04@uptc.edu.co

Colombia presenta una situación epidemiológica compleja debido a la co-circulación de los cuatro serotipos del virus Dengue (denominados –DENV1 al 4), y la presencia de otros virus de importancia médica como Zika y Chikungunya. El surgimiento (o resurgimiento) de focos epidémicos de estas arbovirosis causan una alta carga de morbilidad, y, además, plantea un gran reto para las autoridades encargadas del control y la prevención de estas ETVs (enfermedades transmitidas por vectores) [1]. Recientes aproximaciones conceptuales, relacionadas con la descripción de los factores que condicionan la capacidad de transmisión de estas arbovirosis por sus insectos vectores a humanos sugieren que la competencia vectorial de poblaciones de los vectores *Aedes sp.* es modulada en parte, por la composición y abundancia microbiológica (microbioma) y viral (viroma) de los insectos que las componen [2]. La mayoría de los estudios del microbioma han sugerido que la composición microbiana intestinal [3], y viral (Virus Específicos de Insectos) pueden alterar la competencia de los insectos vectores mediante la modulación de las respuestas inmunitarias del hospedero, mediante una posible competencia por los recursos celulares [4]. Por esta razón surge la necesidad de realizar estudios que indaguen sobre composición y diversidad del viroma de mosquitos *Ae. aegypti* en ciudades endémicas para dengue, y otras arbovirosis siendo este caso la ciudad de Medellín [5].

Se analizaron un total de 4 grupos de mosquitos compuestos por 76 individuos adultos colectados durante el año 2015 en el área urbana de la ciudad de Medellín. A partir de cada grupo de mosquitos se extrajo el ARN total y, posterior a la síntesis del cADN mediante RT-PCR, se realizó el secuenciamiento masivo de las muestras usando la plataforma Illumina HiSeq2000/2500. Una vez obtenidos los datos, cada

grupo se procesó para eliminar las lecturas y los nucleótidos de baja calidad, para lo cual cortaron y se filtraron usando los programas Trimmomatic v0.32. y FastQC. Posteriormente, se filtraron las secuencias ribosómicas en las librerías, utilizando el programa riboPicker. Las lecturas restantes, o las no rRNA (non-rna) se mapearon contra el genoma de *Ae. aegypti* de referencia (COD: GCA_002204515.1), utilizando la herramienta de alineamiento UGENE. Una vez filtradas las secuencias pertenecientes al mosquito y las que no son rRNA, las secuencias restantes fueron analizadas para su asignación taxonómica usando el antepasado taxonómico común más cercano (LCA) como está implementado en el programa DIAMOND. Las asignaciones taxonómicas se visualizaron usando Krona. Para estimar la diversidad de las Unidades Taxonómicas Operativas (OTU) presentes en cada conjunto de mosquitos, se calcularon los índices de diversidad de Shannon-Wiener (H') y el índice de equidad de especies de Pielou. Finalmente, con el fin de identificar los OTU compartidos y exclusivos entre los grupos de mosquitos se construyeron diagramas de Edwards' Venn usando el programa VennPainter V 1.2.0.

En total se identificaron 33 OTU virales, en los cuales se evidenció la presencia de diferentes ISV con alta abundancia en insectos, como lo son: Phasi Charoenlike virus (PCLV); un Phlebovirus perteneciente a la familia Bunyaviridae; y el Humaita-Tubiaca virus (HTV). Adicionalmente, se identificó la presencia de un nuevo tipo viral: *Aedes aegypti* anphevirus.

Este trabajo es un primer acercamiento al conocimiento de la diversidad y composición del viroma de *Ae. aegypti* en Colombia, el cual permitió la identificación de 33 OTU virales, y la identificación de



XIII ENCUENTRO FACULTAD DE CIENCIAS -UPTC I ENCUENTRO INTERNACIONAL

"La Investigación Básica en el Posconflicto"

3, 4 y 5 de octubre 2018 - Tunja, Colombia

XXII Jornada de la Investigación

1 al 5 de Octubre de 2018

un nuevo tipo viral *Aedes aegypti* anphevirus no descrito previamente en América.

La composición del viroma hallado es similar al caracterizado para otras poblaciones de Asia y Oceanía (Bangkok y Cairns, respectivamente), aunque con algunas diferencias en las abundancias de ISV e IFC.

El entendimiento del viroma, representa una variable complicada de entender para el efecto de la capacidad vectorial; es por eso que trabajos futuros deberían abarcar con mayor profundidad la caracterización e identificación de posibles nuevos virus, así como el desarrollo de comparaciones entre los viromas para establecer como su comportamiento y su adaptación al vector.

Referencias

- [1] A. S. Fauci and D. M. Morens, "Zika Virus in the Americas--Yet Another Arbovirus Threat.," *N. Engl. J. Med.*, vol. 374, no. 7, pp. 601–604, Feb. 2016.
- [2] M. Guegan *et al.*, "The mosquito holobiont: fresh insight into mosquito-microbiota interactions.," *Microbiome*, vol. 6, no. 1, p. 49, Mar. 2018.
- [3] A. Boissière *et al.*, "Midgut microbiota of the malaria mosquito vector *Anopheles gambiae* and interactions with *Plasmodium falciparum* infection," *PLoS Pathog.*, vol. 8, no. 5, p. e1002742, 2012.
- [4] N. Jupatanakul, S. Sim, and G. Dimopoulos, "The insect microbiome modulates vector competence for arboviruses," *Viruses*, vol. 6, no. 11, pp. 4294–4313, 2014.
- [5] A. Gomez-Palacio, J. Suaza-Vasco, S. Castano, O. Triana, and S. Uribe, "Aedes albopictus (Skuse, 1894) infected with the American-Asian genotype of dengue type 2 virus in Medellin suggests its possible role as vector of dengue fever in Colombia.," *Biomedica*, vol. 37, no. 0, pp. 135–142, Mar. 2017.