

Secuencias de virus en poblaciones naturales de *Anopheles darlingi* Root 1926 (Diptera: Culicidae) de tres regiones de Colombia

Juan C. Hernández-Valencia¹; Giovan F. Gómez²; Margarita M. Correa¹.

1. Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia.
2. Dirección Académica, Escuela de Pregrados, Universidad Nacional de Colombia Sede de La Paz, Colombia

La mayor parte de las investigaciones en *An. darlingi* se han dirigido a los aspectos relacionados a su papel como vector de malaria; sin embargo, se conoce que el género *Anopheles* contienen un viroma diverso dominado por virus insecto-específicos (VEI), el cual puede otorgar conocimiento valioso alrededor de la biología del mosquito. Debido a que las investigaciones de virus en *An. darlingi* son escasas, este estudio empleó un enfoque metatranscriptómico para conocer la composición de secuencias de virus en poblaciones naturales de esta especie en Colombia. Para ello se recolectaron especímenes *An. darlingi* en las regiones de Bajo Cauca, Pacífico y Amazonas. Los especímenes fueron agrupados por región y se extrajo el ARN total para su secuenciación en un equipo NovaSeq6000 (60M reads). Se descartaron los reads del hospedero y se realizó un ensamblaje de contigs *de-novo* que posteriormente fueron consultados con BLAST frente a la base de datos de secuencias de referencia de virus (RVDB) y HMMER frente a perfiles *Pfam* de ARN polimerasas dependiente de ARN. Se determinaron los recuentos de reads por secuencia viral y se estimó la diversidad alfa y beta entre las diferentes regiones. Como resultado fueron identificados 25 secuencias virales (vOTUs) que presentaron identidad frente a secuencias de VEI de los grupos *Rhabdoviridae*, *Partitiviridae*, *Metaviridae*, *Tymoviridae*, *Phasmaviridae*, *Totiviridae*, *Ortervirales* y *Riboviria*. El análisis de diversidad arrojó un agrupamiento de vOTUs más similar entre las regiones del Bajo Cauca y Pacífico (Bray-Curtis (BC) entre 0,82 y 0,96) que entre estas dos regiones con la del Amazonas (BC < 0,76). Es posible que las disimilitudes observadas entre las poblaciones se deban a la diferencia en condiciones ecológicas particulares en cada región, y a las barreras naturales que separan a las poblaciones de *An. darlingi*. Este estudio contribuye a una mejor comprensión de la microbiota en uno de los vectores primarios de malaria en Colombia.

Palabras clave: *Anopheles*, Viroma, Metaviroma, Microbiota.

Tipo de presentación: Oral

Categoría: Entomología Médica