

Caracterización de la microbiota bacteriana y fúngica en mosquitos *Anopheles darlingi* de Colombia desde un enfoque RNA-Seq

Paola Muñoz-Laiton¹, Juan C. Hernández-Valencia¹, Luisa Rendón¹, Diana Rodríguez¹,
Margarita M. Correa¹

¹ Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

Anopheles darlingi es uno de los principales vectores de malaria en Colombia. Además de su competencia para transmitir parásitos del género *Plasmodium*, alberga bacterias y hongos que hacen parte de su microbiota, y que desempeñan un rol importante en diferentes aspectos de la biología del vector. Actualmente, los estudios de microbiota aprovechan la secuenciación de nueva generación para determinar la composición de comunidades microbianas en el hospedero. El objetivo de este estudio fue caracterizar la microbiota bacteriana y fúngica de *An. darlingi* usando datos RNA-Seq. Los mosquitos fueron colectados en Bajo Cauca, Pacífico y Amazonas, tres regiones endémicas para malaria en Colombia. Los especímenes se agruparon y se realizó la extracción del ARN. La secuenciación del ARN fue realizada en NovaSeq6000 Illumina. La calidad de la secuenciación se determinó mediante FastQC y los *reads* del mosquito fueron excluidos de los análisis, los *contigs* se ensamblaron en MetaSPAdes. Para la caracterización de bacterias y hongos se realizó un BLAST contra la base de datos SILVA. La identificación fue confirmada en la base de datos NCBI-nr. Se asignaron 303 *contigs* a bacterias; los filos más abundantes fueron Proteobacteria (58,09%) y Actinobacteria (16,50%). Se detectaron secuencias de los géneros *Asaia*, *Serratia* y *Klebsiella*, que se han reportado previamente en mosquitos. Adicionalmente, se identificaron 24 *contigs* de hongos; el filo más abundante fue Ascomycota (44,08%), y se determinaron tres *contigs* relacionados con la especie *Anncaliia algerae*, un entomopatógeno. Este trabajo muestra de manera preliminar el uso del enfoque metatranscriptómico para caracterizar, en un solo ensayo, la microbiota bacteriana y fúngica, donde algunos de sus miembros pueden tener potencial para el diseño de estrategias de control de vectores.

Palabras Clave: Bacterias, hongos, *Anopheles*, mosquito, RNA-Seq.

Categoría: Entomología Médica, Veterinaria y Forense

Presentación: Oral