

CURSO INTERNACIONAL



Secuenciación y Análisis de Datos Genómicos para la Detección Microbiológica de Enfermedades transmitidas por Alimentos y Aguas

Caracterización de la microbiota bacteriana e infección natural de Plasmodium en mosquitos Anopheles darlingi de Colombia mediante RNA-Seq

Grupo Microbiología Molecular
Universidad de Antioquia
Medellín, Colombia

Leidy Paola Muñoz Laiton, Juan C. Hernández Valencia, Margarita M. Correa

Caracas, Noviembre 2023







Grupo Microbiología Molecular Escuela de Microbiología

Líneas de investigación

1.- Biología de Vectores de Malaria

3.- Epidemiología Molecular

2.- Diagnóstico Molecular

4.- Microbiología Molecular

Microbiota Fuentes de Comportamiento, asociada a alimentación de vectores vectores filogenia



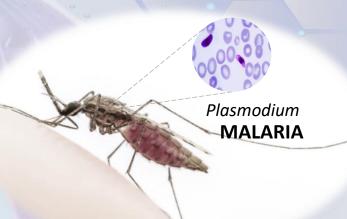
Universidad de Antioquia Medellín, Colombia



Tantas razones para amarte



Anopheles darlingi



INTRODUCCIÓN



Microbiota: Bacterias, hongos, protistas y virus

Reproducción

Nutrición

Digestión de sangre



Resistencia a insecticidas

Inhibición del parásito

Plasmodium

(Guégan et al., 2018, Cansado-Utrilla et al., 2021; Strand, 2018)

Enfoques para caracterizar la composición de comunidades microbianas

Secuenciación de nueva generación

Dependiente de cultivo

Metabarcoding

Metagenómica

Metatranscriptómica

Comunidades activas



Anotación funcional

(Carini et al., 2016; Hempel et al. 2022)



Colección de mosquitos

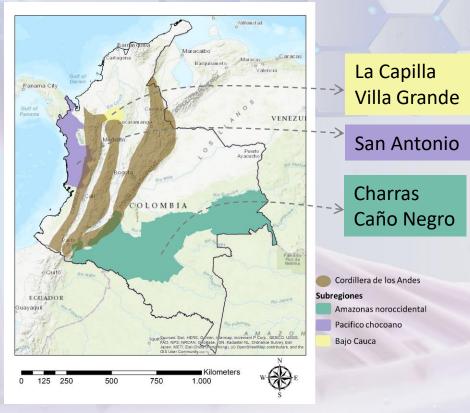


Figura. Mapa de sitios de colecta de *An. daringi* (Tomado de Hernández-Valencia JC., 2022)

METODOLOGÍA

Caracterización taxonómica bacteriana y detección de infección natural por *Plasmodium*

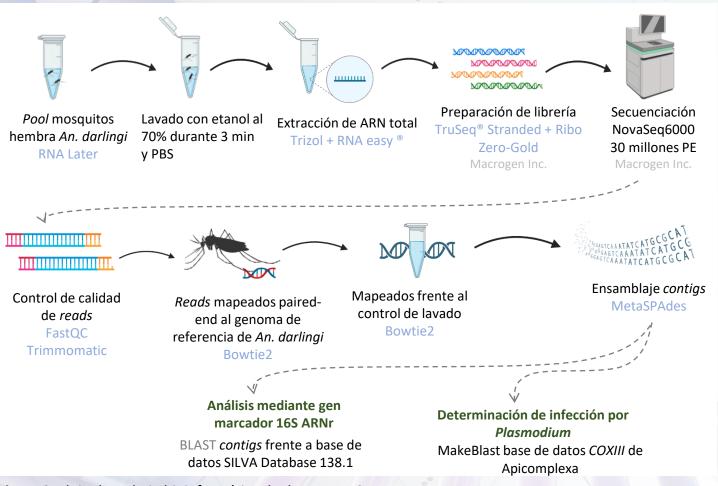


Figura 2. Flujo de trabajo bioinformático de datos RNA-Seq.



RESULTADOS PRELIMINARES



Caracterización taxonómica de la microbiota bacteriana. Mediante análisis de gen marcador 16S ARNr se asignaron

113 contigs a seis clases y 26 géneros bacterianos.

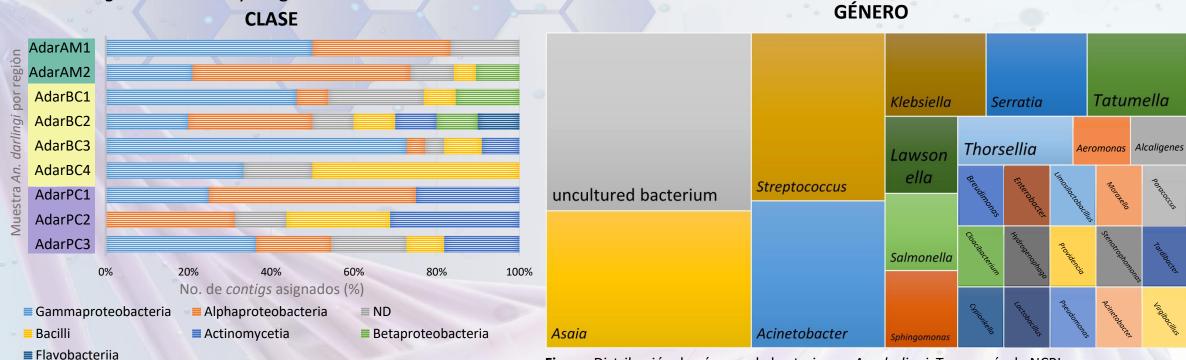


Figura. Distribución de géneros de bacterias en An. darlingi. Taxonomía de NCBI.

Figura. Distribución de *contigs* bacterianos a nivel de clase en *An. darlingi* por región. AM: Amazonas, BC: Bajo Cauca, PC: Pacífico.

Infección natural con *Plasmodium.* Se detectó el parásito monoxenoso de insectos *Crithidia.* No se detectó infección natural por *Plasmodium.*



CONCLUSIÓN Y PERSPECTIVAS



Este trabajo muestra de manera preliminar el uso del enfoque metatranscriptómico para caracterizar, en un solo ensayo, la microbiota bacteriana y la detección de infección natural por *Plasmodium*.

Realizar agrupamiento basado en similitud de secuencias (Diamond contra Swissprot) Caracterizar el perfil funcional de transcritos de las bacterias (Blastx contra base de datos GO y KEEG)

Complementar datos con secuenciación V3-V4 16S y 18S ARNr metabarcoding Este estudio busca contribuir al conocimiento de la composición y el perfil funcional de la microbiota bacteriana y <u>fúngica</u> activa en el vector neotropical de malaria *An. darlingi*









¡Gracias por su atención!

¿Preguntas?

Paola.munoz1@udea.edu.co

Paola Muñoz Laiton
Estudiante Maestría en Biología
Universidad de Antioquia
Medellín, Colombia



