

IDENTIFICACIÓN DEL MICROBIOMA BACTERIANO DE *Dermacentor hunteri* EN BORREGO CIMARRÓN DE SONORA, MÉXICO

González Morales Ana Cristina^{1*}, Molina Garza Zinnia Judith¹, Galaviz Silva Lucio¹.

¹ Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Patología Molecular y Experimental, Departamento de Zoología de Invertebrados No Artrópoda. Ave Universidad s/n, Ciudad Universitaria, C.P. 66455. San Nicolás De los Garza, Nuevo León, México. acgm_92@hotmail.com

INTRODUCCIÓN

Actualmente el género *Dermacentor* se encuentra conformada por 12 especies, entre ellas, *Dermacentor hunteri* es la principal especie que parasita al borrego cimarrón (Guzmán-Cornejo *et al.* 2016). Las garrapatas representan un riesgo tanto para la salud pública como la animal, ya que albergan diversas bacterias de potencial patógeno. No obstante, también albergan endosimbiontes bacterianos intracelulares no patógenos obligados que en conjunto ayudan a la supervivencia y fisiología de la garrapata. Estas se mantienen en poblaciones de forma transovárica (Gall *et al.* 2016). Se han enlistado las enfermedades que son transmitidas por este vector, en la cuál se pueden destacar la tularemia, rickettsiosis, ehrlichiosis y anaplasmosis granulocítica humana, esto debido a que representan una amenaza para la salud humana y animal al causar perdidas monetarias en animales de producción (De la Fuente *et al.* 2017). El vector *D. hunteri* es un vector importante de *Anaplasma marginale*, *Bartonella*, *Borrelia* y *Rickettsia* en *Odocoileus canadensis* y *O. hemionus* (Crosbie *et al.* 1997; Billeter *et al.* 2018). Existe la presencia de endosimbiontes obligados pero que se han cosiderado como no patógenos, tales como endosimbiontes similares a *Francisella* (FLE), endosimbiontes similares a *Rickettsia* (RLE) y endosimbiontes similares a *Coxiella* (CLE). Se ha identificado FLE en una variedad de especies de garrapatas pertenecientes al género *Dermacentor* (Scoles 2004). El aislamiento e identificación de este grupo bacteriano es realmente complicado al ser bacterias intracelulares obligadas por lo que su caracterización se limita en métodos basados en PCR (Bonnet *et al.* 2017; De la Fuente *et al.* 2017). La tecnología de secuenciación de próxima generación (NGS) ha renovado la investigación epidemiológica de microbiomas, al mejorar la detección de endosimbiontes y patógenos dentro de sus huéspedes, detectando una diversa comunidad microbiana (Vayssier-Taussat *et al.* 2015). Sin embargo, el microbioma de muchas especies de garrapatas aún permanecen sin explorar (Kaufman *et al.* 2018).

OBJETIVO

Identificar el microbioma bacteriano de *D. hunteri* mediante NGS para determinar endosimbiontes y bacterias patógenas para humanos y/o animales.

METODOLOGÍA

Las colectas se llevaron a cabo en temporadas de caza regulada por las autoridades correspondientes, desde noviembre 2017- febrero 2019, por parte del personal de Organización de Vida Silvestre (O.V.I.S).

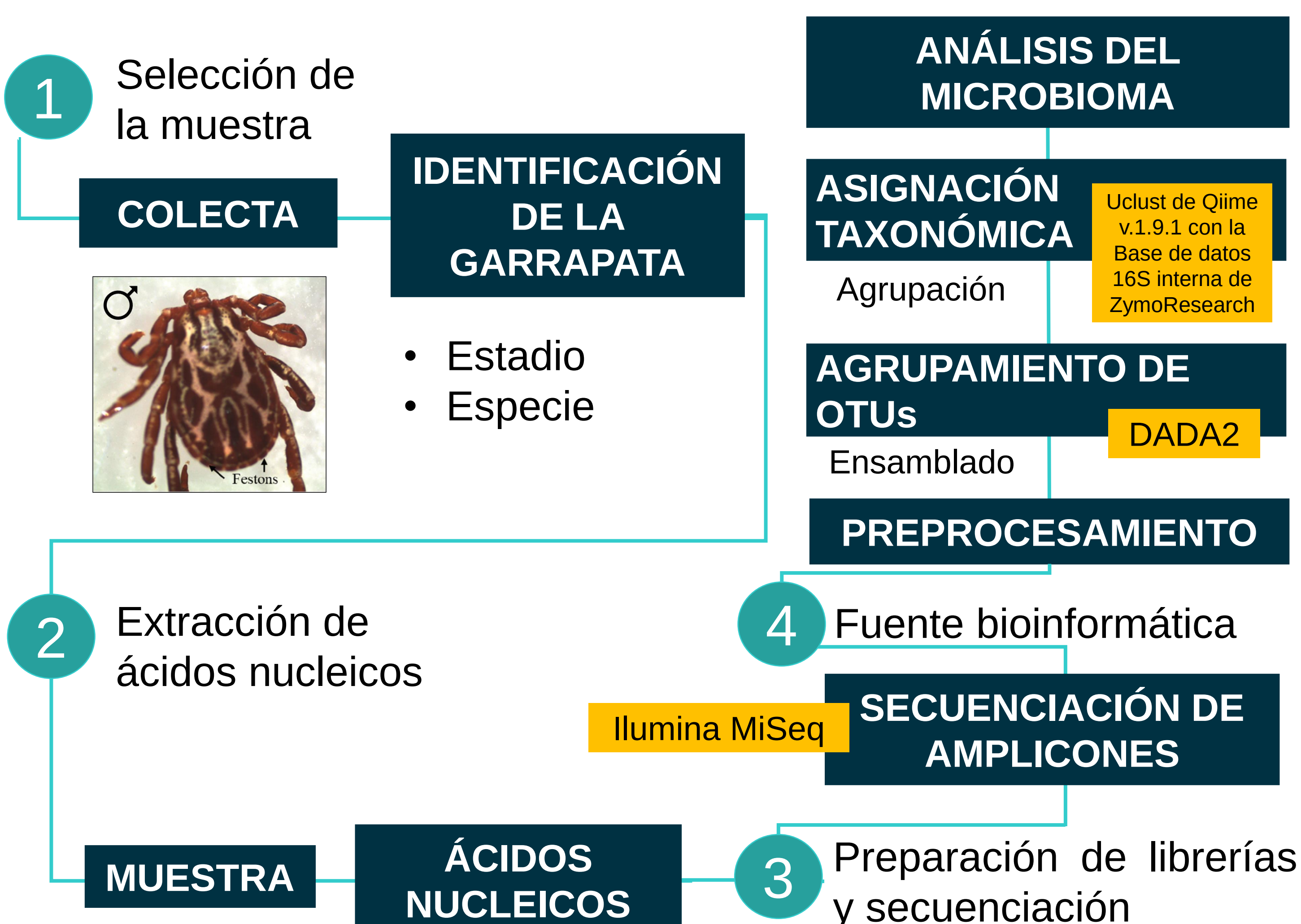


Figura 1. Estrategia metodológica

RESULTADOS

Tabla 2. Principales taxones identificados en el microbioma bacteriano de *D. hunteri*.

Clasificación	Porcentaje (%)	
	Macho	Hembra
Actinobacteria	0.6	-
Actinobacteria	0.6	-
Actinomycetales	0.2	-
Corynebacteriales	0.4	-
Firmicutes	2.5	-
Bacilli	2.2	-
Lactobacillales	2.2	-
Negativicutes	0.3	-
Selenomonadales	0.3	-
Proteobacteria	96.9	100
Alphaproteobacteria	8.2	0.1
Rhizobiales	0.1	0.1
Sphingomonadales	8.1	-
Betaproteobacteria	4.1	-
Burkholderiales	4.1	-
Gammaproteobacteria	84.6	99.9
Alteromonadales	0.8	-
Enterobacteriales	3.7	-
Thiotrichales	73.4	99.8
Vibrionales	6.8	0.1

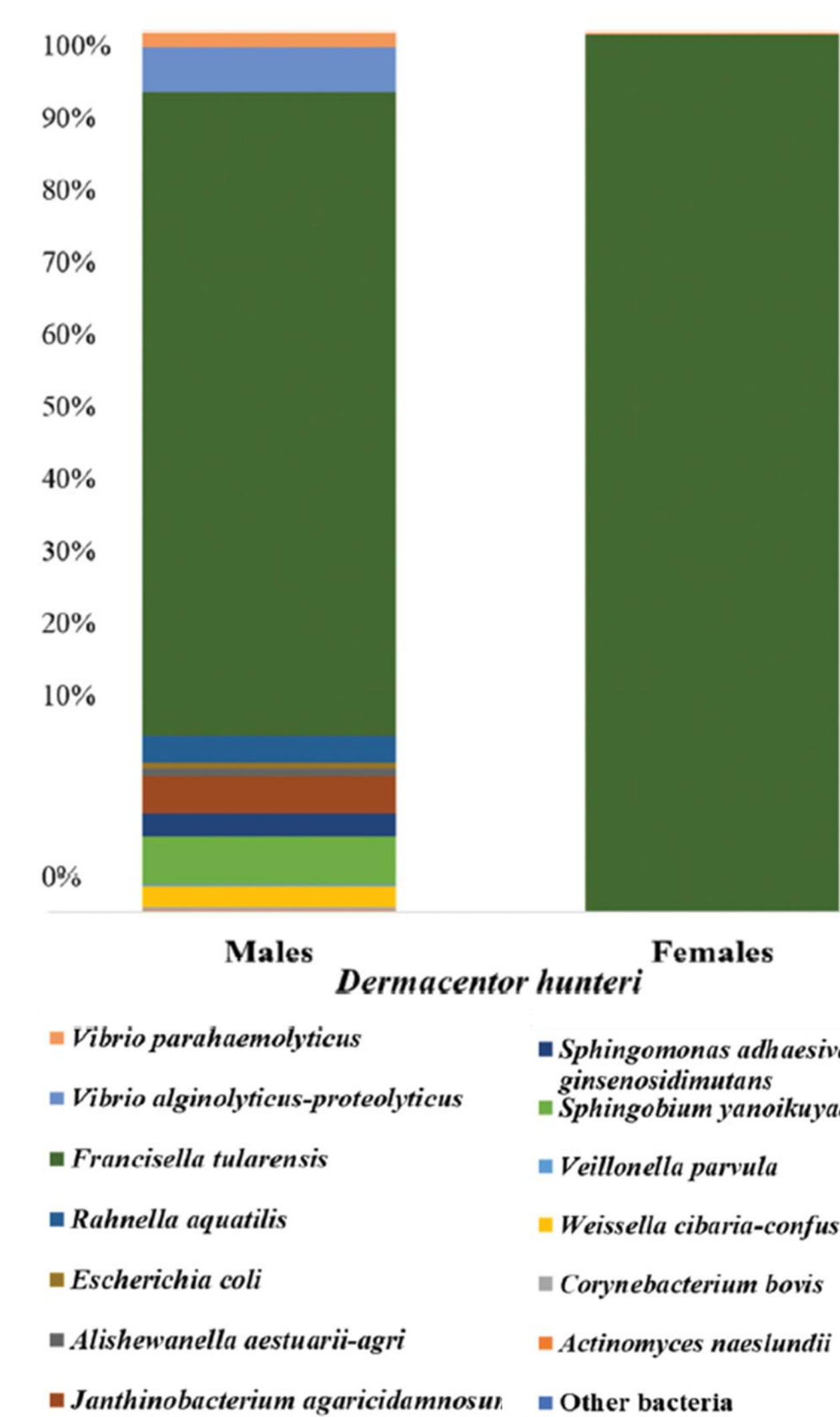


Figura 2. Principales especies bacterianas presentes en el microbioma de *D. hunteri*.

DISCUSIÓN

La especie con mayor predominio fue *Francisella* en el microbioma de *D. hunteri*, con una prevalencia del 73,4 % en machos y del 99,8 % en hembras, los resultados coinciden con hallazgos previos en *D. variabilis* (Travanty *et al.* 2019), *D. albipictus* (Chicana *et al.* 2019) e *Ixodes scapularis* de Texas (Thapa *et al.* 2019). En el presente se observó que el microbioma de las hembras fue menos diverso a comparación de los machos, con valores de p significativos (Ponnusamy *et al.* 2014; Van Treuren *et al.* 2015; Thapa *et al.* 2019).

CONCLUSIÓN

El presente estudio proporcionó la primera descripción general de la microbiota compleja asociada con *D. hunteri* recolectada del borrego cimarrón, caracterizando el microbioma central como *F. tularensis*, lo que sugiere una estrecha relación entre esta bacteria y su vector.

LITERATURA CITADA

- Guzmán-Cornejo C, Robbins RG, Guglielmo AA, Montiel-Parra G, Rivas G, Pérez TM. 2016. The *Dermacentor* (Acari, Ixodidae, ixodidae) of Mexico: hosts, geographical distribution and new records. *Zookeys*. 569:1-22. 10.3897/zookeys.569.7221
- Gall CA, Reif KE, Scoles GA, Mason KL, Mousel M, Noh SM, Brayton KA. 2016. The bacterial microbiome of *Dermacentor andersoni* ticks influences pathogen susceptibility. *The ISME Journal*. 10:1846-1855.
- de la Fuente J, Antunes S, Bonnet S, Cabezas-Cruz A, Domingos AG, Estrada-Peña A, Johnson N, Kocan KM, Mansfield KL, Nijhof AM, *et al.* 2017. Tick-pathogen interactions and vector competence: identification of molecular drivers for tick-borne diseases. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 7:1-13. doi:10.3389/fcimb.2017.00114
- Crosbie P, Goff W, Siller D, Jessup D, Boyce WM. 1997. The distribution of *Dermacentor hunteri* and *Anaplasma* sp. in desert bighorn sheep (*Ovis canadensis*). *The Journal of Parasitology*. 83:31-37.
- Billeter SA, Oskowicz LM, Burns JE, Konde L, Gonzales BJ, Hu R, Kosoy MY. 2018. Molecular surveillance for bartonella, borrelia, and rickettsia species in ticks from desert bighorn sheep (*Ovis canadensis*) and mule deer (*Odocoileus hemionus*) in Southern California, USA. *Journal of Wildlife Diseases*. 54:161-164. 10.7589/2017-02-047
- Scoles GA. 2004. Phylogenetic analysis of the francisella-like endosymbionts of dermacentor ticks. *Journal of Medical Entomology*. 41:277-286.
- Bonnet SL, Binetroy F, Hernández-Jarguín AM, Duron O. 2017. The tick microbiome: why non-pathogenic microorganisms matter in tick biology and pathogen transmission. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 7:1-14. 10.3389/fcimb.2017.00236
- Vayssier-Taussat M, Kozmova M, Hubalek Z, Hornok S, Farkas R, Cosson J-F, Bonnet S, Vourch G, Gasqui P, Mihalca AD, *et al.* 2015. Emerging horizons for tick-borne pathogens: from the "one pathogen-one disease" vision to the pathobiome paradigm. *Future Microbiology*. 10:2033-2043. doi:10.2217/fmb.15.114
- Kaufman EL, Stone NE, Scoles GA, Hepp CM, Busch JD, Wagner DM. 2018. Range-wide genetic analysis of *Dermacentor variabilis* and its *Francisella*-like endosymbionts demonstrates phylogeographic concordance between both taxa. *Parasites & Vectors*. 11:1-11.