

Nuevo Tymoviridae-like virus circulante en la Sierra Nevada de Santa Marta, Colombia

Katherine Laiton-Donato^{1,2,*}, Camila Guzmán², Lorena Larios²
Ladys Sarmiento³ Orlando Torres-Fernandez³,
Dioselina Peláez-Carvajal², María Cristina Navas⁴,
Gabriel Parra-Henao¹, José A. Usme-Ciro¹

Palabras clave: *Tymoviridae like-virus*, aislamiento viral, caracterización *in vitro*, mosquitos, Secuenciación de próxima generación.

Introducción: La Sierra Nevada de Santa Marta (SNSM) es un ecosistema cercano a zona rural y selvática que favorece nuevas interacciones ecológicas entre especies silvestres (vertebrados e invertebrados) y el humano. Los virus de la familia *Tymoviridae* infectan principalmente en plantas, con algunos hallazgos en mosquitos.

Objetivo: Caracterizar a nivel genotípico/fenotípico un nuevo virus de la familia *Tymoviridae* aislado a partir de mosquitos del género *Culex*.

Metodología: Se realizaron capturas en zona rural de la SNSM. Los mosquitos recolectados fueron homogenizados y usados para la inoculación de células C6/36 y VERO o directamente para la extracción de RNA viral, posterior secuenciación NGS, ensamblaje *de Novo*, análisis metagenómico y análisis filogenético. Se diseñó una RT-PCR para cuantificación de genomas y se realizaron curvas de crecimiento y análisis morfológico de partículas virales mediante microscopía electrónica de transmisión y diseño de primers para secuenciación genómica.

¹ Centro de Investigación en Salud para el Trópico - CIST, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta, Colombia.

² Grupo de Virología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá DC, Colombia.

³ Grupo de Morfología Celular, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá DC, Colombia.

⁴ Grupo de Gastrohepatología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.

Correspondencia: katerine

Resultados: El aislamiento viral desde un pool de mosquitos *Culex sp.*, permitió la obtención del genoma completo de un virus similar pero distantemente relacionado a miembros de la familia *Tymoviridae*. Se observó efecto citopático en células C6/36 con crecimiento a títulos altos, sin embargo, la inoculación en células de vertebrado (Hela, HEK293, A549 y U937) no permitió la propagación del virus. Se observaron partículas virales mediante microscopía electrónica en células C6/36. Se evidencia la curva de crecimiento a distintas horas post infección.

Conclusiones: Se describe la caracterización de un nuevo *Tymoviridae*-like virus, los análisis genéticos y fenotípicos sugieren que este virus es específico de insectos. Ensayos de evolución experimental en células de vertebrado permitirán establecer su potencial de emergencia en vertebrados.

Financiación: Minciencias, Convocatoria 777-2017, código 210477757671.

Modalidad: Oral

BIBLIOGRAFÍA

1. King AMQ, Adams MJ, Carstens EB, Lefkowitz EJ. Virus taxonomy: classification and nomenclature of viruses: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses: Elsevier Academic Press; 2011.
2. Wang L, Lv X, Zhai Y et al (2012) Genomic characterization of a novel virus of the family Tymoviridae isolated from mosquitoes. PLoS One. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0039845>
3. Charles J, Tangudu CS, Hurt SL et al (2019) Discovery of a novel Tymoviridae-like virus in mosquitoes from Mexico. Arch Virol. doi: 10.1007/s00705-018-4098.
4. Miranda KKP, Galvão GJP, Araújo PAdS, et al. Discovery of a New Virus of the Family Tymoviridae Isolated from Mosquitoes of the Genus *Mansonia* in Brazil. Research Square; 2021. DOI: 10.21203/rs.3.rs-255483/v1.
5. Ajami NJ, Wong MC, Ross MC, Lloyd RE, Petrosino JF. Maximal viral information recovery from sequence data using VirMAP. Nature Communications. 2018 Aug;9(1):3205. DOI: 10.1038/s41467-018-05658-8. PMID: 30097567; PMCID: PMC6086868.

6. Nguyen LT, Schmidt HA, von Haeseler A, Minh BQ. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Mol Biol Evol.* 2015;32(1):268-274. doi:10.1093/molbev/msu300
7. Quick J et al. Multiplex PCR method for MinION and Illumina sequencing of Zika and other virus genomes directly from clinical samples. *Nat Protoc.* 2017 Jun;12(6):1261-1276.