

# ESTUDIO DEL VIROMA DE DOS ESPECIES DE MAMÍFEROS SILVESTRES DE LA PROVINCIA DE SANTA FE

Di **Domenica Violeta**<sup>1,2,3</sup>, Morro Lorenzo<sup>4</sup>, Cerri Agustina<sup>1,4</sup>, Zorec Tomaz M.<sup>5</sup>, Montani María Eugenia<sup>2,3,6</sup>, Antonio Sciarra Bagillet<sup>7</sup>, Poljak Mario<sup>8</sup>, Bolatti Elisa<sup>1,4</sup>, Giri Adriana A.<sup>1,4</sup>  
<sup>1</sup>Grupo de Virología Humana, Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR-CONICET); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias; <sup>3</sup>Programa de Conservación de los Murciélagos de Argentina (PCMA); <sup>4</sup>Área Virología, Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, UNR; <sup>5</sup>Institute of Microbiology and Immunology (Faculty of Medicine, University of Ljubljana, Slovenia); <sup>6</sup>Dirección Provincial de Museos (AT), Ministerio de Cultura, Santa Fe; <sup>7</sup>Centro de Rescate e Interpretación de Fauna "La Esmeralda", Ministerio de Ambiente y Cambio Climático de Santa Fe.

[didomenica@ibr-conicet.gov.ar](mailto:didomenica@ibr-conicet.gov.ar)

## INTRODUCCIÓN

Los virus son la entidad biológica más diversa y abundante en la Tierra. El estudio del viroma es relativamente reciente y ha aumentado exponencialmente gracias al uso de datos de secuencias obtenidas por secuenciación profunda (*Next Generation Sequencing*, NGS) y el uso de herramientas bioinformáticas. Sin embargo, los estudios se encuentran sesgados por la alta proporción en las bases de datos virales de secuencias de virus humanos y de especies animales relevantes para éstos, como vectores de enfermedades o especies de importancia veterinaria y productiva. En este sentido, ciertos grupos de animales han quedado relegados y se desconoce casi por completo qué virus los infectan.

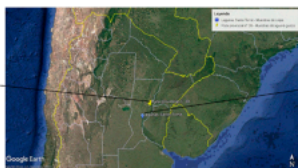
## OBJETIVO

El objetivo general de este trabajo es el estudio del viroma de dos especies de mamíferos silvestres que habitan en la provincia de Santa Fe, aplicando tecnologías de NGS y análisis bioinformático.

## METODOLOGÍA

### Sitios de toma de muestras

*Chrysocyon brachyurus*  
(aguará guazú)



*Mycastor coypus*  
(coipo - nutria)

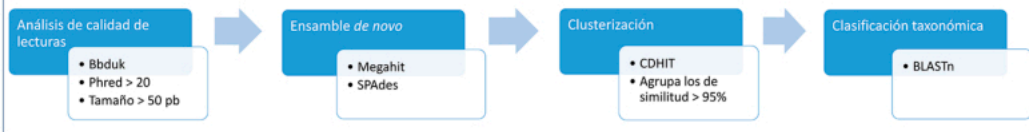
Muestras: hisopados  
Librerías de ADN

Muestras: pools de heces  
Librerías de ADN y ARN

### Flujo de trabajo para el análisis de las muestras



### Flujo de trabajo bioinformático para la clasificación taxonómica de los cóntigos por BLASTn



## RESULTADOS

### Lecturas obtenidas a partir del análisis bioinformático

| Librería           | N° de lecturas totales | N° de lecturas limpias | Cóntigos totales | Cóntigos agrupados | Cóntigos asignados | Cóntigos no asignados |
|--------------------|------------------------|------------------------|------------------|--------------------|--------------------|-----------------------|
| Aguará guazú (ADN) | 6.731.748              | 5.767.847              | 312.554          | 172.384            | 154.725 (89,8%)    | 17.659 (10,2%)        |
| Coipo (ADN)        | 16.131.180             | 11.485.738             | 419.376          | 242.496            | 134.189 (55,3%)    | 108.302 (44,7%)       |
| Coipo (ARN)        | 30.015.777             | 18.600.737             | 206.878          | 109.603            | 82.234 (75%)       | 27.369 (25%)          |

### Análisis de los cóntigos asignados

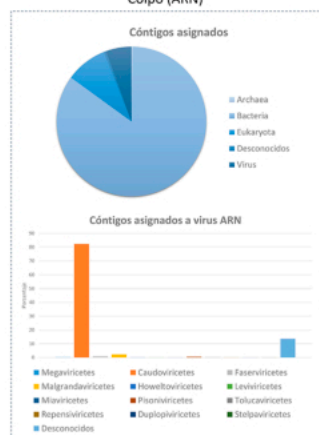
#### Aguará guazú (ADN)



#### Coipo (ADN)



#### Coipo (ARN)



## CONCLUSIONES

El elevado número de secuencias que no fueron asignadas a ningún taxón viral mediante comparación con bases de datos confirma la falta de información sobre las especies hospedadoras en estudio en este proyecto y los virus que las infectan. Se hallan en curso los análisis de la materia oscura (secuencias obtenidas por metagenómica altamente divergentes) a través de Modelos ocultos de Markov y/o de otros algoritmos no convencionales.

## REFERENCIAS

1) Harvey, E., Holmes, E.C., Nat Rev Microbiol., 2022, 20(6), 321-334. 2) He, W.-T. et al., Cell, 2022, 185(7), 1117-1129. 3) Cerri, A., et al., Microbiol Spectr., 2023, 11(5), 1-19. 4) Bolatti, E. M., et al., Microorganisms, 2022, 10(2), 266. 5) Charon, J., et al., 2022, Virus Evol., 8(2). Fotos: Sistema de Información de Biodiversidad.

## AGRADECIMIENTOS

A Guillermo Principe (Dirección General de Manejo Sustentable de Fauna, Ministerio de Ambiente y Cambio Climático de la provincia de Santa Fe) por la recolección de las muestras.