



DIAGNÓSTICO DE RESISTENCIA A INSECTICIDAS A TRAVÉS DE UN ENFOQUE ÓMICO

Mejía Muñoz, Alejandro^{1*}, Mejía Jaramillo, Ana María¹, Lowenberger, Carl², Saavedra Rodríguez, Karla³, Triana Chávez, Omar¹

¹*Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas – BCEI, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.*

²*Centre for Cell Biology, Development and Disease, Department of Biological Sciences, Simon Fraser University, Canada.*

³*Colorado State University, Department of Microbiology, Immunology and Pathology, Center of Vector-borne and Infectious Diseases, Fort Collins, Colorado, United States of America.*

* alejandro.mejiam1@udea.edu.co

RESUMEN

La resistencia a insecticidas es un problema crítico tanto para la salud pública como para la seguridad alimentaria. Este fenómeno es especialmente relevante en el vector del dengue, *Aedes aegypti*, debido a que su control requiere concentraciones cada vez mayores de insecticidas. Tradicionalmente, el diagnóstico de resistencia se ha centrado en los mecanismos “clásicos”, como mutaciones en el canal de sodio y modificaciones metabólicas. Sin embargo, enfocarse únicamente en estos procesos limita la comprensión del problema, el cual es multifactorial.

En este trabajo abordamos la resistencia a piretroides mediante aproximaciones genómica, transcriptómica y microbiómica, con el objetivo de caracterizar la resistencia no explicados por los mecanismos clásicos. Para ello, sometimos poblaciones de *Ae. aegypti* a presión con insecticidas piretroides utilizados en campañas de salud pública, generando líneas resistentes y susceptibles.

En las poblaciones resistentes identificamos polimorfismos de un solo nucleótido en genes asociados a la respuesta al estrés oxidativo y a la regulación de enzimas metabólicas. Estos resultados se correlacionan con la sobreexpresión de transcritos de la cadena transportadora de electrones (citocromo oxidasa y ATP sintasa), junto con marcadores de apoptosis, lo que sugiere una respuesta adaptativa al daño causado por especies reactivas de oxígeno (ROS). De forma interesante, observamos una sobre-regulación de la enzima seryl-tRNA sintetasa, previamente implicada en la modulación de ROS en el intestino medio. Esta enzima podría estar relacionada con las diferencias en la diversidad microbiana detectadas entre mosquitos resistentes y susceptibles, caracterizadas por la sobre-representación del género bacteriano *Delftia* exclusivamente en individuos resistentes al insecticida permetrina.

Determinar la relación causal entre la seryl-tRNA sintetasa, el estrés oxidativo y la composición microbiana intestinal ofrece un potencial mecanístico y diagnóstico aún





inexplorado, con aplicaciones biotecnológicas prometedoras. Explorar estos mecanismos de manera integrada, y no aislada, constituye el objetivo central de este estudio.

Palabras claves: Resistencia a insecticidas, genómica, transcriptómica, microbiómica.

