

Herpesvirus (familia: *Herpesviridae*) como potenciales marcadores moleculares de conectividad entre murciélagos de Uruguay

Germán Botto Nuñez^{1,2,*}, Lucía Moreira Marrero^{1,3,*}, Natalia Montaldo³, Sandra Frabasile³, Adriana Delfraro³

¹ Programa para la Conservación de los Murciélagos de Uruguay. Museo Nacional de Historia Natural. 25 de mayo 582, CP 11000, Montevideo, Uruguay.

² Departamento de Métodos Cuantitativos, Facultad de Medicina, Universidad de la República. Av. Gral. Flores 2125, CP. 11800, Montevideo, Uruguay. gbotto@fmed.edu.uy

³ Sección Virología, Facultad de Ciencias, Universidad de la República. Igua 4225, CP 11400, Montevideo Uruguay. lmoreira@fcien.edu.uy nmontaldo@fcien.edu.uy sfrabasile@fcien.edu.uy adelfraro@fcien.edu.uy

Los murciélagos son el segundo orden más diverso de mamíferos y presentan una amplia gama de roles ecosistémicos, desde el consumo de insectos hasta la regeneración de bosques mediante polinización y dispersión de semillas. Debido a su gran diversidad y distribución cosmopolita resulta interesante estudiar virus asociados a ellos con una alta prevalencia. Recientemente hemos identificado Herpesvirus (familia: *Herpesviridae*) de las subfamilias *Beta-* y *Gammaherpesvirinae* en murciélagos autóctonos de varias especies. El objetivo de este trabajo fue profundizar en la caracterización genética de Herpesvirus con el objetivo final de estudiar la asociación entre murciélagos utilizando a los virus como marcadores de contacto poblacional. Las muestras se obtuvieron a partir de hisopados bucales. Se realizó extracción de ácidos nucleicos totales, amplificación genómica por PCR anidada de una región conservada de la ADN polimerasa viral y la Glicoproteína B, secuenciación y análisis filogenéticos. Se encontró alta prevalencia y diversidad de Herpesvirus, tanto en murciélagos insectívoros como hematófagos. Se observa una circulación parcialmente independiente de *Gammaherpesvirus* en *Desmodus rotundus*, formando un clado separado en la subfamilia *Gammaherpesvirinae*. En los murciélagos insectívoros, los resultados sugieren asociación entre especies que comparten refugios más allá de su cercanía filogenética. Se observa una mayor prevalencia en los adultos y al mismo tiempo una mayor probabilidad de compartir virus idénticos entre juveniles. Ambas observaciones pueden ser compatibles con una mayor diversidad de variantes coinfectando a los individuos adultos, asociado a un riesgo de infección creciente con la edad. A partir de estos resultados destacamos la idoneidad de estos virus para rastrear la estructura de la población de murciélagos vampiros con el fin de ser aplicados a estudios de circulación de virus rábico, y para analizar la dinámica de la población de sus huéspedes, incluidos el movimiento y la demografía.