

CARACTERIZACIÓN DEL MICROBIOMA DE LAS GARRAPATAS COMO ESTRATEGIA PARA IDENTIFICAR TAXONES CLAVE CUYA MANIPULACIÓN MODIFICA SU CAPACIDAD VECTORIAL

Characterization of the tick microbiome as a strategy to identify
keystone taxa whose manipulation modifies their vector capacity

 Elianne Piloto Sardiñas*

Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria, Departamento de Salud Animal.
Carretera de Tapaste y Autopista Nacional, Apartado Postal 10, San José de las Lajas, Mayabeque 32700, Cuba.

RESUMEN: El uso de vacunas antimicrobiota constituye una alternativa para controlar las enfermedades transmitidas por garrapatas. La inmunización exitosa con este tipo de vacunas en *Ixodes ricinus* apoya la aplicación de esta estrategia en otras especies de garrapatas. Sin embargo, para ello, es crucial el análisis del microbioma de estas garrapatas y su perfil funcional, así como sus interacciones en las interfases patógeno-patógeno y patógeno-comunidad microbiana. El presente estudio demuestra que los microbiomas de las especies de garrapatas *Rhipicephalus microplus*, *Ixodes scapularis*, *Ornithodoros moubata*, y *Ornithodoros erraticus*, son consorcios microbianos dinámicos influenciados por sus taxones clave y sus interacciones biológicas. La interacción patógeno-patógeno analizada mediante la detección de infecciones simultáneas en humanos, ganado bovino y garrapatas detectó la co-infección con *Borrelia lusitaniae* y *Rickettsia helvetica* en *I. ricinus*. Esto sugiere la ausencia de interferencia entre estos patógenos que pueden coexistir en el vector probablemente por diferencias en el tropismo y diferentes mecanismos de patogénesis. Por otro lado, la coexistencia de *Borrelia afzelii* y *Borrelia miyamotoi* en *I. ricinus* sugirió la heterogeneidad genotípica entre estas especies. Adicionalmente, la variación en los patrones temporales de interacción entre patógenos que se analizó en bovinos y garrapatas *R. microplus* mostró la persistencia de *Anaplasma marginale* sin signos clínicos de anaplasmosis en los bovinos. Sin embargo, la presencia variable de *A. marginale* detectada en *R. microplus* podría explicarse por interacciones antagónicas del patógeno con el microbioma. De hecho, en las garrapatas con infección simple de *A. marginale*, la dinámica temporal del microbioma mostró variaciones en los patrones de coexistencia del patógeno. El estudio de garrapatas *I. scapularis* infectadas por *Anaplasma phagocytophilum* mostró diferencias en la distribución de vías metabólicas de la microbiota, sugiriendo cambios en sus perfiles funcionales y nuevas interacciones microbianas inducidas durante el proceso de colonización del patógeno. De todos estos resultados se infiere que las comunidades microbianas asociadas a las garrapatas coexisten en un ambiente dinámico sometido a presiones de selección, como la presencia y multiplicación de patógenos. En este contexto, el estudio de las interacciones de la comunidad microbiana de *O. erraticus* y *O. moubata* permitió analizar la biodiversidad y el ensamblaje de las mismas sin la presión de selección ejercida por la tasa de multiplicación de patógenos. *Ornithodoros erraticus* y *O. moubata* mostraron diferentes patrones de ensamblaje comunitario, atribuido a diferencias del transcriptoma y la anatomofisiología del intestino medio entre ambas especies de garrapatas blandas, lo cual puede sustentar las diferencias en su competencia vectorial informadas previamente. Este estudio demostró que la diversidad microbiana en el intestino medio es mayor en *O. erraticus* comparada a *O. moubata*, sugiriendo que la microbiota de *O. erraticus* ofrecerá mayor resistencia a la colonización por patógenos y, por tanto, será menos competente para transmitirlos. Por último, la identificación de taxones clave en los microbiomas de *R. microplus*, *I. scapularis*, *O. moubata*, y *O. erraticus* que modulan significativamente la diversidad, composición y ensamblaje de la comunidad microbiana, es un resultado esencial para usarlos como candidatos potenciales para el desarrollo de vacunas antimicrobiota.

Palabras clave: Microbioma de garrapatas, taxones clave, ensamblaje comunitario, *Ixodes ricinus*, *Rhipicephalus microplus*, *Ixodes scapularis*, *Ornithodoros moubata*, *Ornithodoros erraticus*.

*Autor para correspondencia: Elianne Piloto Sardiñas. E-mail: elianne9409@gmail.com

Recibido: 10/04/2026

Aceptado: 12/04/2026



Este artículo se encuentra bajo los términos de la licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial (CC BY-NC 4.0).
<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>



ABSTRACT: The use of anti-microbiota vaccines is an alternative to control tick-borne diseases. The successful immunization with this type of vaccines in *Ixodes ricinus* supports the application of this strategy in other tick species. However, for this purpose, the analysis of the microbiome of these ticks and their functional profile, as well as their interactions at the pathogen-pathogen and pathogen-microbial community interfaces, is crucial. The present study demonstrates that the microbiomes of the tick species *Rhipicephalus microplus*, *Ixodes scapularis*, *Ornithodoros moubata*, and *Ornithodoros erraticus*, are dynamic microbial consortia influenced by their keystone taxa and their biological interactions. Pathogen-pathogen interaction analyzed by detecting simultaneous infections in humans, cattle and ticks detected co-infection with *Borrelia lusitaniae* and *Rickettsia helvetica* in *I. ricinus*. This suggests the absence of interference between these pathogens that may coexist in the vector, probably due to differences in tropism and different pathogenesis mechanisms. On the other hand, the coexistence of *Borrelia afzelii* and *Borrelia miyamotoi* in *I. ricinus* suggested genotypic heterogeneity between these species. Additionally, the variation in temporal interaction patterns between pathogens analyzed in cattle and *R. microplus* ticks showed the persistence of *Anaplasma marginale* without clinical signs of anaplasmosis in cattle. However, the variable presence of *A. marginale* detected in *R. microplus* could be explained by antagonistic interactions of the pathogen with the microbiome. Indeed, in ticks with simple *A. marginale* infection, the temporal dynamics of the microbiome showed variations in the pathogen coexistence patterns. The study of *I. scapularis* ticks infected by *Anaplasma phagocytophilum* showed differences in the distribution of metabolic pathways in the microbiota, suggesting changes in their functional profiles and new microbial interactions induced during the pathogen colonization process. From all these results, it is inferred that the microbial communities associated with ticks coexist in a dynamic environment subject to selection pressures, such as the presence and multiplication of pathogens. In this context, the study of the microbial community interactions of *O. erraticus* and *O. moubata* allowed to analyze their biodiversity and assembly without the selective pressure exerted by the pathogen multiplication rate. *Ornithodoros erraticus* and *O. moubata* showed different community assembly patterns, attributed to differences in the transcriptome and midgut anatomy and physiology between both soft tick species, which may support the differences in their previously reported vector competence. This study demonstrated that midgut microbial diversity is higher in *O. erraticus* compared to *O. moubata*, suggesting that the microbiota of *O. erraticus* will offer greater resistance to pathogen colonization and, therefore, will be less competent for transmitting them. Finally, the identification of keystone taxa in the microbiomes of *R. microplus*, *I. scapularis*, *O. moubata*, and *O. Erraticus*, that significantly modulate microbial community diversity, composition and assembly is an essential result for using them as potential candidates for the development of anti-microbiota vaccines.

Key words: Tick microbiome, keystone taxa, community assembly, *Ixodes ricinus*, *Rhipicephalus microplus*, *Ixodes scapularis*, *Ornithodoros moubata*, *Ornithodoros erraticus*.