

ÁREA TEMÁTICA: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.001.717>

ACV-2025-028

Circulación de genogrupos del virus de la enfermedad de Gumboro en Colombia: implicaciones para el control en granjas avícolas

ARLEN P. GÓMEZ¹, MAGDA BELTRÁN-LEÓN¹, CAMILA DAZA-LEÓN¹,
GLORIA CONSUELO RAMÍREZ-NIETO¹

¹ Laboratorio de Biología Molecular y Virología, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia (Colombia).

Correspondencia: Arlen P. Gómez. apgomezr@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: IBDV (*Infectious Bursal Disease Virus*) es el agente causal de la Enfermedad de Gumboro, una patología viral que genera inmunosupresión en aves domésticas, particularmente en pollos. Este virus, perteneciente al género *Avibirnavirus*, posee un genoma de ARN de doble cadena y se distingue por su alta tasa de mutación, reasociación y recombinación genética, lo cual favorece el aumento de su virulencia y la modificación de su antigenicidad. Debido a estos factores, la caracterización molecular del virus resulta esencial para orientar eficazmente las estrategias de prevención y control. En Colombia y en gran parte de Sudamérica, la información sobre la epidemiología molecular del IBDV es limitada. Por ello, el objetivo de este estudio fue determinar la distribución de genogrupos del virus en granjas de pollos de engorde en el país.

Métodos: Se extrajo ARN viral de bursas de Fabricio de aves entre 21 y 48 días de edad, provenientes de dos regiones con alta producción avícola. Se amplificó un fragmento de 260 pb del gen VP2 mediante RT-PCR, y los productos fueron secuenciados para realizar análisis filogenéticos, incluyendo cepas vacunales utilizadas en Colombia. Se identificó la presencia del gen VP2 en las 32 muestras analizadas.

Resultados: Los virus se distribuyeron en tres genogrupos: el genogrupo 1 (clásico) en el 71,9 % de las muestras, el genogrupo 2 (variante antigénica) en el 21,9 %, y el genogrupo 4 (dIBDV, linaje genético emergente) en el 6,2%. Dentro de los genogrupos se detectaron variaciones, especialmente en el genogrupo 2, en el que se identificaron linajes G2b y G2c.

Conclusiones: La presencia de estos tres genogrupos, también prevalentes a nivel global, resalta la necesidad de implementar modelos de clasificación más específicos que permitan asociar mejor la variabilidad genética con los signos clínicos observados en campo y las estrategias de control en el país.

Palabras clave: aves comerciales, genotipos, IBDV, Colombia.