

ÁREA TEMÁTICA: Virus emergentes.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.723>

ACV-2025-035

Detección molecular del virus de encefalitis equina venezolana (VEEV) y del virus Madariaga (MADV) en roedores silvestres, mosquitos y equinos: un estudio piloto ecoepidemiológico en Valparaíso (Antioquia, Colombia)

MELISSA C. ORTIZ-PINEDA¹, MARLÉN MARTÍNEZ GUTIÉRREZ²,
JOSÉ ALDEMAR USME³, SERGIO SOLARI-TORRES⁴, GABRIEL PARRA-HENAO³,
JULIÁN RUIZ SÁENZ¹

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia, sede Bucaramanga 680005 (Colombia).

² Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

³ CIST: Centro de Investigación en Salud para el Trópico, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta (Colombia).

⁴ Grupo de Investigación en Mastozoología (GM), Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Julián Ruiz Sáenz. julian.ruizs@campusucc.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus de encefalitis equina venezolana (VEEV) y el virus Madariaga (MADV) pertenecen al complejo de las encefalitis equinas. Son virus neurotrópicos que causan enfermedad febril con signos clínicos inespecíficos e indistinguibles, que pueden tener consecuencias graves y fatales en huéspedes terminales como los equinos y los humanos. La detección durante la fase aguda se dificulta debido a la presentación clínica no diferenciada y las herramientas diagnósticas limitadas.

Métodos: Se realizó un estudio ecoepidemiológico y se determinó la frecuencia molecular del VEEV y MADV en equinos, mamíferos silvestres y mosquitos en zona rural del municipio de Valparaíso, en la región suroccidental de Antioquia, en julio de 2024. Los roedores y murciélagos se identificaron mediante claves dicotómicas y material craneodental de referencia; mientras que los mosquitos se identificaron mediante claves dicotómicas. Los virus se detectaron por RT-qPCR.

Resultados: El VEEV se detectó en el 45.4 % (5/11) de *Equus caballus*, el 64.2 % (9/14) de *Zygodontomys brunneus*, el 33.3 % (1/3) de *Artibeus lituratus* y el 2.5 % (1/40) de *Culicoides spp.* MADV se identificó en el 9 % (1/11) de *Equus caballus*, el 57.1 % (8/14) de *Zygodontomys brunneus*, el 33.3 % (1/3) de *Glossophaga soricina* y el 40 % (16/40) de los mosquitos recolectados. Las especies de mosquitos con resultados positivos incluyeron *Culicoides spp.*, *Aedes albopictus*, *Culex quinquefasciatus*, *Psorophora ferox* y *Haemagogus janthinomys*.

Conclusiones: Estos resultados confirman la circulación de VEEV y MADV en hospederos terminales (equinos) y en potenciales hospederos amplificadores y vectores artrópodos (roedores y murciélagos), que establecen un ciclo de transmisión activo con implicaciones críticas para la salud pública, especialmente en comunidades rurales expuestas. La coexistencia de estos arbovirus zoonóticos en el mismo ecosistema no solo incrementa el potencial de epizootias y transmisión zoonótica (*spillover*), sino que favorecen la emergencia de subtipos y variantes virales con mayor virulencia y capacidad de diseminación.

Palabras clave: alfavirus, encefalitis equina, mosquitos, vectores, reacción en la cadena de la polimerasa.