



ÁREA TEMÁTICA: Evolución viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.724>

ACV-2025-036

## Caracterización filogenética y filogeográfica del virus de influenza equina H3N8 en Antioquia y Cundinamarca

JULIANA GONZÁLEZ-OBANDO<sup>1-7</sup>, MARLEN CARRILLO<sup>1</sup>, FRANCISCO J. DÍAZ<sup>2</sup>, MARIE GARVEY<sup>3</sup>, KARL CIUDERIS<sup>4</sup>, ISABEL MORENO<sup>4</sup>, JORGE E. FORERO<sup>5</sup>, ANDRÉS DÍAZ<sup>6</sup>, CARLOS ROJAS-ARBELÁEZ<sup>7</sup>, ANN CULLINANE<sup>3</sup>, JULIÁN RUIZ-SÁENZ<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga (Colombia).

<sup>2</sup> Grupo Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

<sup>3</sup> Virology Unit, Irish Equine Centre (Irlanda).

<sup>4</sup> GHI One Health Colombia, Universidad Nacional de Colombia, Medellín (Colombia).

<sup>5</sup> Grupo de Microbiología Ambiental, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

<sup>6</sup> Pig Improvement Company, Hendersonville (USA).

<sup>7</sup> Grupo de Epidemiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

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

## RESUMEN

**Introducción:** La influenza equina (IE) es una enfermedad respiratoria altamente contagiosa que afecta la salud y el rendimiento de los caballos. En Colombia, la vigilancia genómica del virus es limitada. Este estudio tuvo como objetivo caracterizar filogenéticamente y filogeográficamente el virus de influenza equina (EIV).

**Métodos:** Se evaluaron muestras recogidas de 188 equinos con síntomas respiratorios entre 2020 y 2023 en Antioquia y Cundinamarca por RT-qPCR y secuenciación por Nanopore.

**Resultados:** 63 equinos resultaron positivos por RT-qPCR y posterior secuenciación por Nanopore. El análisis filogenético situó estas secuencias dentro del clado Florida 1 (FC1), con bootstrap de 68 % para HA y 100 % para NA. Para otros genes del genoma, los valores de bootstrap variaron entre 65 y 100 %, demostrando su relación con virus de influenza equina en Estados Unidos. Se identificaron múltiples sustituciones en sitios antigenicos clave de HA (como A138S, N159S, T163I, N188T, R62K, N63D) asociadas a deriva antigenica y potencial evasión inmune, así como mutaciones en genes de la polimerasa (PB1, PB2, PA) asociadas a adaptación viral y posibles cambios en la replicación viral. Algunas de estas sustituciones también han sido implicadas en eventos de transmisión interespecie hacia caninos (por ejemplo, T30S en HA). El análisis filogeográfico estimó el ancestro común más reciente (tMRCA) en 2020, además reveló que la secuencia de Cundinamarca (Col/48/2022) y las secuencias de Antioquia (Col/76/2022, Col/118/2022) ingresaron de manera independiente a Colombia desde los Estados Unidos, lo que sugiere al menos dos eventos independientes de introducción desde Estados Unidos, probablemente asociados al movimiento internacional de caballos de competencia.

**Conclusiones:** Nuestros hallazgos evidencian la circulación exclusiva del subtipo H3N8 en el país y destacan la importancia de monitorear la evolución del EIV. Además, los resultados de esta investigación podrían dar lineamientos para mejorar las estrategias de control y prevención en la salud equina en Colombia.

**Palabras clave:** influenza equina, H3N8, filogenética, Colombia, salud animal.