

ÁREA TEMÁTICA: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.726>

ACV-2025-038

Caracterización molecular de variantes de reovirus aviar aislados a partir de pollos de engorde en Perú

DORIS VILLANUEVA-PÉREZ¹, LUIS TATAJE-LAVANDA^{1,2}, ÁNGELA MONTALVÁN-ÁVALOS¹,
GISELA ISASI-RIVAS¹, DIEGO PAREDES-INOFUENTE¹, SULY MONTOYA-ORTIZ¹, MANOLO
FERNÁNDEZ-SÁNCHEZ¹, ELIANA ICOCHEA³, MANOLO FERNÁNDEZ-DÍAZ¹

¹ Laboratorios de Investigación y Desarrollo, FARVET, Carretera Panamericana Sur N°
766 Km 198.5, Chíncha Alta 11702, Ica (Perú).

² Escuela Profesional de Medicina Humana, Universidad Privada San Juan Bautista,
Lima 15067 (Perú).

³ Laboratorio de Patología Aviar, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad
Nacional Mayor de San Marcos, Av. Circunvalación 2800, Lima 15081 (Perú).

Correspondencia: Doris Villanueva-Pérez. dvillanueva@farvet.com

RESUMEN

Introducción: Reovirus aviar (ARV) es un patógeno emergente que provoca artritis viral en aves de corral, afectando la productividad y generando pérdidas económicas significativas en la industria avícola en todo el mundo. Tras un largo periodo de prevención eficaz y bajas tasas de artritis/tenosinovitis viral en Perú, los brotes en aves de corral han aumentado en los últimos años. El objetivo de este estudio fue caracterizar molecularmente aislados de ARV provenientes de pollos de engorde mediante el secuenciamiento del gen σC .

Métodos: En marzo de 2024 se recolectaron 20 muestras de tendones de pollos de engorde con síntomas de artritis viral en dos regiones del Perú. La detección de ARV se realizó mediante RT-PCR en tiempo real dirigida al gen S3. Las muestras positivas con valores de Ct <20 fueron seleccionadas y cultivadas en células LMH. Un total de 8 muestras fueron procesadas para extraer el ARN, seguido de la transcripción inversa y amplificación del gen σC (~1088 pb). Los productos de PCR fueron purificados, cuantificados y preparados para la secuenciación en un dispositivo MinION Mk1B.

Resultados: En total se generaron 270.210 lecturas y 155,9 Mb de datos de alta calidad. Las lecturas se alinearon con secuencias de referencia de distintos genotipos y se generaron secuencias de consenso utilizando Map con BWA-MEM, Samtools depth y Consensus Sequence. Posteriormente, se realizó un análisis filogenético mediante la construcción de un árbol filogenético utilizando MEGA 11, incluyendo 82 secuencias. El análisis filogenético identificó tres genotipos distintos de ARV (G1, G2 y G3). El genotipo 2 fue el más prevalente y mostró relación cercana con aislados brasileños, lo que sugiere posibles vínculos epidemiológicos.

Conclusiones: Este estudio identificó por primera vez en Perú la diversidad genotípica del ARV en pollos de engorde. Estos hallazgos destacan la importancia de establecer una vigilancia genómica continua para apoyar estrategias de prevención y vacunación más efectivas en la industria avícola.

Palabras clave: reovirus aviar, artritis viral, gen σC , secuenciación, Perú, pollos de engorde.