



ÁREA TEMÁTICA: Ómicas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.229>

ACV-2025-089

Caracterización metatranscriptómica del viroma asociado al síndrome febril agudo en comunidades indígenas wayúu de la sabana de Manaure, en La Guajira (Colombia)

BEATRIZ ELENA DE ARCO-RODRÍGUEZ¹, JHINDY TATIANA PÉREZ-LOZADA¹,

KATHERINE LAITON-DONATO¹, DIOSELINA PELÁEZ-CARVAJAL¹,

GLORIA MERCEDES PUERTO-CASTRO², DIEGO A. ÁLVAREZ-DÍAZ¹

¹ Grupo de Genómica de Microorganismos Emergentes, Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá 111321 (Colombia).

² Grupo de Micobacterias. Dirección de Investigación en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá 111321 (Colombia).

Correspondencia: Beatriz Elena De Arco-Rodríguez. bedea@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: En Colombia, el síndrome febril agudo de origen infeccioso representa una causa significativa de morbilidad y atención clínica. Su etiología respiratoria, gastrointestinal o sistémica involucra agentes de diversa naturaleza biológica, destacando los virus como determinantes importantes. En la población wayúu de la sabana de Manaure (La Guajira), con condiciones socioeconómicas y ambientales desfavorables –deficiente acceso a agua potable, saneamiento inadecuado, inseguridad alimentaria y aislamiento geográfico– que favorecen la transmisión y persistencia de infecciones, se caracterizó el viroma respiratorio, entérico y sistémico mediante un enfoque metatranscriptómico.

Métodos: Se analizaron hisopados nasofaríngeos, muestras fecales y sueros recolectados entre 2023 y 2025. Los hisopados y sueros fueron agrupados por síntomas y grupos etarios; se extrajo ARN viral y se prepararon bibliotecas para secuenciación en la plataforma MGI. Las lecturas fueron procesadas con el pipeline CZ ID v8.3, que incluyó filtrado de calidad (fastp), sustracción de lecturas de hospedero humano (Bowtie2 y Hisat2), alineamientos contra bases de datos del NCBI (Minimap2 y DIAMOND) y ensamblaje (SPAdes). Las abundancias virales se estimaron con lecturas normalizadas (rPM), aplicando filtros para minimizar falsos positivos.

Resultados: En muestras respiratorias se detectaron secuencias de *Betacoronavirus*, *Alphainfluenzavirus*, *Betainfluenzavirus*, *Alphacoronavirus*, *Enterovirus*, *Mastadenovirus*, *Orthorubulavirus*, *Lymphocryptovirus*, *Cytomegalovirus* y *Orthopicobirnavirus*. En suero predominaron *Pegivirus hominis* y *Circovirus* sp.; en materia fecal, *Picornavirus* sp., *Sapovirus* sp. y *Enterovirus*. La cobertura del segmento 2 de *Orthopicobirnavirus* permitió generar un consenso y realizar un análisis filogenético, ubicando la secuencia dentro del clado de cepas reportadas en Colombia en pacientes con enfermedad respiratoria grave.

Conclusiones: Estos resultados evidencian la circulación simultánea de virus frecuentes, emergentes y poco documentados, reflejando un viroma complejo, posiblemente vinculados a factores específicos de la región como el contacto con reservorios animales o condiciones de vida vulnerables. Además, la metatranscriptómica se resalta como una herramienta valiosa de vigilancia en contextos donde los métodos diagnósticos tradicionales son insuficientes.

Palabras clave: metatranscriptómica, enfermedad febril aguda, virus, wayúu.