

ÁREA TEMÁTICA: Virus emergentes.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.230>

ACV-2025-090

Metapneumovirus aviar en Colombia: evidencia molecular como un llamado a reforzar la vigilancia diagnóstica

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

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

Correspondencia: Gloria Consuelo Ramírez-Nieto. ggramirezn@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: El *metapneumovirus aviar* (aMPV) es un virus de distribución mundial que afecta principalmente el tracto respiratorio de pavos y pollos. En aves reproductoras y ponedoras comerciales, se asocia con disminución en la producción, alteraciones en la calidad externa e interna del huevo y mayor susceptibilidad a infecciones secundarias de origen bacteriano, lo que incrementa la morbi-mortalidad en casos de coinfección. Basados en diferencias nucleotídicas en la secuencia viral, se reconocen cuatro subtipos: A y B (descritos en Sudáfrica y Europa), C (Estados Unidos) y D (Francia). En Latinoamérica, el virus ha sido reportado principalmente en Brasil, con predominio de los subtipos A y B. En Colombia, solo hasta 2023 se presentó por primera vez evidencia de la circulación de aMPV en el país. Se considera un agente subdiagnosticado dentro del complejo respiratorio aviar (CRA), síndrome multifactorial que involucra diversos patógenos y constituye un desafío relevante para la industria avícola. Este estudio tuvo como objetivo analizar la frecuencia de detección y determinar el subtipo de aMPV en muestras de aves comerciales en Colombia durante 2024.

Métodos: Se evaluaron 429 solicitudes diagnósticas para agentes asociados al CRA, de las cuales solo 24 (5 %) correspondieron a pruebas específicas para aMPV. El diagnóstico se realizó mediante RT-PCR anidada para la amplificación del gen G, con capacidad para diferenciar los subtipos A y B. Las muestras fueron sometidas a secuenciación para análisis filogenéticos.

Resultados: El 37 % de las muestras resultaron positivas, todas pertenecientes al genogrupo B, lo cual evidencia su presencia en el país.

Conclusiones: Estos resultados evidencian un sesgo diagnóstico que podría estar favoreciendo la persistencia de aMPV en las poblaciones avícolas nacionales. Por lo cual se recomienda fortalecer la vigilancia epidemiológica, incluir rutinariamente aMPV en el diagnóstico diferencial del CRA y desarrollar estudios que permitan estimar su impacto económico y sanitario, con el fin de implementar estrategias de prevención y control basadas en evidencia científica.

Palabras clave: complejo respiratorio aviar, metapneumovirus aviar, virus aviares, salud aviar.