

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología y vigilancia.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.616.064>

ACV-2025-098

## Composición de la comunidad viral en la cuenca alta del río Chicamocha: estudio exploratorio

LAURA J. HERNANDEZ-ZAMBRANO<sup>1</sup>, DANIEL LÓPEZ-PUENTES<sup>2</sup>,  
SINDY P. BUITRAGO<sup>1</sup>, DIEGO GARZÓN-OSPINA<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Grupo de Estudios en Genética y Biología Molecular (GEBIMOL), Facultad de Ciencias, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia (UPTC), Tunja, Boyacá (Colombia).

<sup>2</sup> Grupo de Ecuaciones Diferenciales, Modelación y Simulación (GEDMyS), Facultad de Ciencias, Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia (UPTC), Tunja, Boyacá (Colombia).

<sup>3</sup> Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Tolima (Colombia).

**Correspondencia:** Laura J. Hernández-Zambrano. [laura.hernandez13@uptc.edu.co](mailto:laura.hernandez13@uptc.edu.co)

## RESUMEN

**Introducción:** El río Chicamocha, recurso hídrico estratégico para las actividades agrícolas, ganaderas e industriales de Boyacá (Colombia), ha sufrido un progresivo deterioro en las últimas décadas, lo cual ha incrementado el riesgo de contaminación viral con implicaciones para la salud pública, el sector productivo y el medio ambiente. En este contexto, este estudio evaluó preliminarmente la diversidad viral en la cuenca alta del río, específicamente aguas abajo de la descarga de la planta de tratamiento de aguas residuales (PTAR) de Tunja.

**Métodos:** Se recolectó una muestra de 10 L agua, que fue filtrada (0,22  $\mu$ m, polietersulfona), concentrada mediante floculación con leche desnatada y sometida a extracción de material genético con el sistema KingFisher Flex, seguido de cuantificación con dsADN Qubit™ y secuenciación metagenómica en la plataforma Illumina NovaSeq (lecturas pareadas de 150 bp). Las secuencias obtenidas fueron analizadas con Kraken2, estableciendo un umbral de confianza del 90 %.

**Resultados:** Se identificaron 55 virus, todos bacteriófagos, asociados principalmente a *Escherichia*, *Salmonella* y *Enterobacteria*, géneros bacterianos indicadores de contaminación fecal y vinculados a enfermedades gastrointestinales. Estos hallazgos fueron contrastados con encuestas comunitarias, en las que se reportaron síntomas digestivos frecuentes (diarrea, dolor abdominal y vómito) durante el último año, especialmente en niños y adultos mayores.

**Conclusiones:** La coincidencia entre la presencia de bacteriófagos indicadores y los reportes de morbilidad sugiere una posible relación entre las descargas de la PTAR, la calidad microbiológica del agua y los problemas sanitarios locales. En conjunto, los resultados ponen de manifiesto deficiencias en el saneamiento básico del agua, evidencian la vulnerabilidad de las poblaciones ribereñas y constituyen una línea base para la vigilancia virológica ambiental, respaldando la necesidad de implementar estrategias integradas que fortalezcan la seguridad hídrica y la salud pública en cuencas fluviales sometidas a presión antrópica.

**Palabras clave:** metagenómica, río, viroma, bacteriófago.