



XI Simposio Colombiano & VII Congreso Latinoamericano de Virología
Barranquilla, 13 al 15 de noviembre de 2025

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología molecular y genómica.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.407.348>

ACV-2025-068

Caracterización genética del virus de influenza A en Colombia: desafíos y perspectivas desde la vigilancia virológica

PAULA RODRÍGUEZ-ROMERO¹, JUAN CAMILO MARTÍNEZ¹, SERGIO GÓMEZ-RANGEL¹

¹ Grupo de Virología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud

Correspondencia: Paula Estefanía Rodríguez Romero. prodriguez@ins.gov.co

RESUMEN

Introducción: La infección respiratoria aguda (IRA) es una de las principales causas de morbi-mortalidad en Colombia. Los virus de influenza A y B (FLU) son frecuentemente detectados en IRA graves, con 2940 casos en 2024 y 20-30 % de positividad durante 2025 (SE 27). Su potencial de mutación obliga a vigilar posibles variaciones genéticas en los virus circulantes. El Laboratorio Nacional de Referencia del Instituto Nacional de Salud, como parte de la Sistema Global de Vigilancia y Respuesta a Influenza y como Centro Nacional de Influenza (NIC), realiza la vigilancia de este virus para caracterización y seguimiento en el país.

Métodos: Se intentó secuenciación de genoma completo en 45 muestras confirmadas para FLU-A/B provenientes de diferentes departamentos en 2025 usando *primers* universales MBTuni-12, MBTuni-12.4 y MBTuni-13, 2:3:5, respectivamente, con tecnología Oxford Nanopore, y usando plataforma MIRA (CDC). Se determinó agrupación por clados y mutaciones de interés. Los datos fueron relacionados con información epidemiológica disponible en Sivigila y la formulación vacunal.

Resultados: Flu-A(H1N1) pdm09 se agrupó en los clados 6B.1A.5a.2a y 6B.1A.5a.2a.1, evidenciando las mutaciones R26K, R240Q, N111D, relacionadas con tropismo, transmisibilidad, fusión y reconocimiento de anticuerpos. Para FLU-A(H3N2) (clado 3C.2a1b.2a.2a.3a.1), las mutaciones N161S, A202D, N138D son asociadas a mayor virulencia y escape inmunológico. Para FLU-B fueron encontradas mutaciones D209E y D144N, relacionadas con especificidad del huésped. Se evidenció cubrimiento *in silico* de la formulación vacunal con las cepas circulantes en el país.

Conclusión: El análisis genómico en virus de influenza A es importante en casos no estacionales, dado el riesgo de emergencia de nuevas variantes. Sin embargo, la secuenciación del segmento codificador para la hemaglutinina (HA) y neuraminidasa (NA) aún es útil para el seguimiento virológico del virus y la toma de decisiones en salud pública. Ensayos fenotípicos son necesarios para estudiar la expresión de las mutaciones encontradas.

Palabras clave: influenza humana, secuenciación de genoma completo, mutación, epidemiología.